```
                   GenCore version 5.1.6
          Copyright (c) 1993 - 2005  Compugen Ltd.

OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         April 28, 2005, 00:40:20 ; Search time 13971 Seconds
                                           (without alignments)
                                           7931.936 Million cell updates/sec

Title:          US-09-611-257A-24
Perfect score:  12028
Sequence:       1 MLPHRVPRCVRTPPLRGSAR..........KKDTLSLSGLSSDPTDMDPZ 2287

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       4708233 seqs, 24227607955 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      9416466

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09611257/runat_26042005_150449_14893/app_query.fasta_1.2439
-DB=GenEmbl -QFMT=fastap -SUFFIX=rge -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0 -LOOPEXT=0
-UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi -LIST=45
-DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL
-OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US09611257_@CGN_1_1_8809_@runat_26042005_150449_14893 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      GenEmbl:*
                1:  gb_ba:*
                2:  gb_htg:*
                3:  gb_in:*
                4:  gb_om:*
                5:  gb_ov:*
                6:  gb_pat:*
                7:  gb_ph:*
                8:  gb_pl:*
                9:  gb_pr:*
                10:  gb_ro:*
                11:  gb_sts:*
                12:  gb_sy:*
                13:  gb_un:*
                14:  gb_vi:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                    %
Result              Query
  No.     Score     Match Length DB  ID                    Description
 -------------------------------------------------------------------------
     1    12024    100.0   7540  6  AX068898               AX068898 Sequence
     2    11980     99.6   6942 10  AF290212                AF290212 Rattus no
     3    11980     99.6   7542 10  RNCAA1G                 AF027984 Rattus no
     4    11829     98.3   7285  6  BD224079               BD224079 T-type ca
     5    11829     98.3   7286 10  AF125161                AF125161 Rattus no
     6    11673     97.0   7129  6  BD224078               BD224078 T-type ca
     7  11592.5     96.4   7625 10  MMU012569               AJ012569 Mus muscu
     8    11489     95.5   7527 10  BC057399                BC057399 Mus muscu
     9    11088     92.2   7274  9  AF126966               AF126966 Homo sapi
    10    11088     92.2   7349  9  AF190860               AF190860 Homo sapi
    11  11066.5     92.0   7741  6  AR201015               AR201015 Sequence
    12  11037.5     91.8   7253  9  AF126965               AF126965 Homo sapi
    13  10948.5     91.0   6822  6  AR201014               AR201014 Sequence
    14  10948.5     91.0   6822  9  AF227744               AF227744 Homo sapi
    15    10936     90.9   6897  9  AF227746               AF227746 Homo sapi
    16  10923.5     90.8   6786  9  AF227747               AF227747 Homo sapi
    17  10914.5     90.7   6966  9  AF227745               AF227745 Homo sapi
    18    10902     90.6   6855  9  AF227749               AF227749 Homo sapi
    19    10898     90.6   6801  9  AF227751               AF227751 Homo sapi
    20    10891     90.5   6921  9  AF227748               AF227748 Homo sapi
    21    10868     90.4   6999  9  AF227750               AF227750 Homo sapi
    22  10845.5     90.2   7648  9  AF134986               AF134986 Homo sapi
    23  10631.5     88.4   7030  9  AF134985               AF134985 Homo sapi
    24  10626.5     88.3   7030  6  CQ724231               CQ724231 Sequence
    25     8137     67.7   5475  9  AB032949               AB032949 Homo sapi
    26   7256.5     60.3   4903  9  AB012043               AB012043 Homo sapi
    27   6809.5     56.6   4944 10  AK129294                AK129294 Mus muscu
    28     6248     51.9   8447  6  AX068900               AX068900 Sequence
    29     6242     51.9   7898  6  BD087035               BD087035 Calcium c
    30     6242     51.9   7898  9  AF073931               AF073931 Homo sapi
    31     6241     51.9   7898  6  BD087032               BD087032 Calcium c
    32     6240     51.9   7762  9  AF051946               AF051946 Homo sapi
    33   6235.5     51.8   7868 10  AF290213                AF290213 Rattus no
    34     6233     51.8   7044  9  HSA420779              AJ420779 Homo sapi
    35     6103     50.7   3993  9  AF124351               AF124351 Homo sapi
    36   5738.5     47.7   6941  6  BD087036               BD087036 Calcium c
    37   5596.5     46.5   6924  6  CQ730788               CQ730788 Sequence
    38     5441     45.2   6911 10  AF086827                AF086827 Rattus no
    39   5432.5     45.2   6990  9  AF142567               AF142567 Homo sapi
    40     5420     45.1   6816  6  AR175747               AR175747 Sequence
    41     5420     45.1   6816  6  AR352550               AR352550 Sequence
    42     5420     45.1   6855  6  AR175748               AR175748 Sequence
    43     5420     45.1   6855  6  AR352551               AR352551 Sequence
    44     5420     45.1   9896  9  AF393329               AF393329 Homo sapi
    45     5407     45.0   6503  6  AR175755               AR175755 Sequence

                                  ALIGNMENTS

RESULT 1
AX068898
LOCUS       AX068898                7540 bp    DNA     linear   PAT 25-JAN-2001
DEFINITION  Sequence 23 from Patent WO0102561.
ACCESSION   AX068898
VERSION     AX068898.1  GI:12578748
KEYWORDS    .
SOURCE      Rattus sp.
  ORGANISM  Rattus sp.
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Snutch,T.P. and Baillie,D.L.
  TITLE     Mammalian calcium channels and related probes, cell lines and
            methods
  JOURNAL   Patent: WO 0102561-A 23 11-JAN-2001;
            Neuromed Technologies, Inc. (CA)
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..7540
                     /organism="Rattus sp."
                     /mol_type="unassigned DNA"
                     /db_xref="taxon:10118"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0            Length:        7540
Score:                  12024.00     Matches:        2286
```

```
Percent Similarity:      100.00%        Conservative:  0
Best Local Similarity:   100.00%        Mismatches:    0
Query Match:             99.97%         Indels:        0
DB:                      6              Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AX068898 (1-7540)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        385 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 444

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        445 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 504

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        505 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 564

Qy         61 ProGlyAlaAlaGlyAlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAla 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        565 CCGGGGGCGGCAGGGGCCGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCG 624

Qy         81 GluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSer 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        625 GAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGC 684

Qy        101 ArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMet 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        685 CGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATG 744

Qy        121 LeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAla 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        745 CTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTGCC 804

Qy        141 CysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePhe 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        805 TGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTT 864

Qy        161 AlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeu 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        865 GCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACCTG 924

Qy        181 GlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSer 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        925 GGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATTCG 984

Qy        201 LeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeu 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        985 CTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTC 1044

Qy        221 ArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeu 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1045 AGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCTTG 1104

Qy        241 ProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleVal 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1105 CCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCGTG 1164

Qy        261 GlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSer 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1165 GGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGC 1224

Qy        281 LeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerPro 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1225 CTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCCCC 1284

Qy        301 PheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeu 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1285 TTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACACTG 1344

Qy        321 ArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSer 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1345 CGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTTCC 1404

Qy        341 SerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHis 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1405 AGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGCAC 1464

Qy        361 AsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePhe 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1465 AACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTC 1524

Qy        381 GlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSer 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1525 CAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACTCC 1584

Qy        401 PheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsn 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1585 TTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAAC 1644

Qy        421 LeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1645 CTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTG 1704

Qy        441 MetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGlu 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1705 ATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAG 1764

Qy        461 ProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAla 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1765 CCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAGCC 1824

Qy        481 ArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerPro 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1825 CGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCA 1884

Qy        501 ValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArg 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1885 GTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTCGT 1944

Qy        521 LeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGly 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1945 CTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGGGT 2004

Qy        541 AsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGly 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2005 AATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGG 2064

Qy        561 SerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArg 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2065 TCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGG 2124

Qy        581 GlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCys 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2125 GGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGC 2184

Qy        601 GlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLys 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2185 CAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAG 2244

Qy        621 ValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2245 GTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAGTG 2304

Qy        641 GluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyPro 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2305 GAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGCCC 2364

Qy        661 PheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCys 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2365 TTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGC 2424

Qy        681 LysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysPro 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2425 AAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCC 2484
```

```
Qy         701 TyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSer 720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2485 TACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACTCA 2544

Qy         721 AspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspPro 740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2545 GACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATCCC 2604

Qy         741 HisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAla 760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2605 CACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCT 2664

Qy         761 PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArg 780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2665 TTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCCGG 2724

Qy         781 GlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGln 800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2725 GGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGCAG 2784

Qy         801 ProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAla 820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2785 CCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCC 2844

Qy         821 LeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyr 840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2845 TTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCTAC 2904

Qy         841 AsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGly 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2905 AACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGA 2964

Qy         861 GlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPhe 880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2965 GGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTC 3024

Qy         881 LeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThr 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3025 CTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACC 3084

Qy         901 PheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPhe 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3085 TTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTT 3144

Qy         921 GlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAsp 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3145 GGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCGAC 3204

Qy         941 SerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLys 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3205 TCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATAAA 3264

Qy         961 ValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeu 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3265 GTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCCTC 3324

Qy         981 MetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPhe 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3325 ATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGATTC 3384

Qy        1001 GlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerVal 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3385 CAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTG 3444

Qy        1021 AspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3445 GATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGGAA 3504

Qy        1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHis 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3505 CTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCACAC 3564
```

```
Qy        1061 ProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSer 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3565 CCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCAGT 3624

Qy        1081 SerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAla 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3625 AGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTGCC 3684

Qy        1101 ArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSer 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3685 CGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGC 3744

Qy        1121 ArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArg 1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3745 AGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGG 3804

Qy        1141 SerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAsp 1160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3805 TCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGAC 3864

Qy        1161 ArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLys 1180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3865 CGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAG 3924

Qy        1181 SerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGly 1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3925 AGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCGGC 3984

Qy        1201 ArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAla 1220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3985 CGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCC 4044

Qy        1221 ArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsn 1240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4045 CGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAAAT 4104

Qy        1241 LeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArg 1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4105 CTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGA 4164

Qy        1261 GluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCys 1280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4165 GAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGT 4224

Qy        1281 HisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsn 1300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4225 CACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCAAC 4284

Qy        1301 CysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePhe 1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4285 TGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCTTC 4344

Qy        1321 LeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysVal 1340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4345 CTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGGTG 4404

Qy        1341 ValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeu 1360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4405 GTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTG 4464

Qy        1361 AspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSer 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4465 GACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACAGC 4524

Qy        1381 GlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeu 1400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4525 GGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCACTC 4584

Qy        1401 ArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeu 1420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4585 AGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCCTC 4644

Qy        1421 LysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeu 1440
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4645 AAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTGGAATTCTC 4704

Qy       1441 GlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIle 1460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4705 GGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATC 4764

Qy       1461 ThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPhe 1480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4765 ACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACTTT 4824

Qy       1481 AspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpVal 1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4825 GACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTT 4884

Qy       1501 AspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHis 1520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4885 GACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACCAC 4944

Qy       1521 AsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeu 1540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4945 AACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTG 5004

Qy       1541 AsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGlu 1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5005 AACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGGAG 5064

Qy       1561 GluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSer 1580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5065 GAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAGT 5124

Qy       1581 LysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPhe 1600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5125 AAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTC 5184

Qy       1601 ArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyVal 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5185 CGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTC 5244

Qy       1621 IleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAsp 1640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5245 ATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGAC 5304

Qy       1641 GluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPhe 1660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5305 GAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTC 5364

Qy       1661 LysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeu 1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5365 AAACTTGTGGCCTTTGCGTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTG 5424

Qy       1681 AlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSer 1700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5425 GCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGTCG 5484

Qy       1701 LeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeu 1720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5485 CTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTG 5544

Qy       1721 LysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeu 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5545 AAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCCTG 5604

Qy       1741 ProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeu 1760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5605 CCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTG 5664

Qy       1761 GlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGly 1780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5665 GGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGT 5724

Qy       1781 ArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThr 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       5725 CGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACT 5784

Qy       1801 GlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThr 1820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5785 GGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACCCTTCCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACC 5844

Qy       1821 CysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPhe 1840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5845 TGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTT 5904

Qy       1841 ValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGlu 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5905 GTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAG 5964

Qy       1861 AlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerPro 1880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5965 GCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCG 6024

Qy       1881 GlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSer 1900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6025 CAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGT 6084

Qy       1901 ThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGly 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6085 ACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGC 6144

Qy       1921 PheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGly 1940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6145 TTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGA 6204

Qy       1941 ProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAsp 1960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6205 CCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGAC 6264

Qy       1961 SerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGly 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6265 AGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGG 6324

Qy       1981 LeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSer 2000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6325 CTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGC 6384

Qy       2001 CysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThr 2020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6385 TGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACC 6444

Qy       2021 TrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeu 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6445 TGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTC 6504

Qy       2041 ArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGlu 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6505 AGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAA 6564

Qy       2061 AspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrp 2080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6565 GACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGG 6624

Qy       2081 GlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHis 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6625 GGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCAC 6684

Qy       2101 IleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGlu 2120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6685 ATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAG 6744

Qy       2121 ThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuPro 2140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6745 ACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCC 6804

Qy       2141 SerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThr 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6805 AGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACC 6864
```

```
Qy       2161 GlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAla 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6865 CAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCT 6924

Qy       2181 ValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGly 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6925 GTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGG 6984

Qy       2201 GlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIle 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6985 GGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATC 7044

Qy       2221 SerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeu 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7045 TCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTC 7104

Qy       2241 ArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSer 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7105 AGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGC 7164

Qy       2261 ThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAsp 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7165 ACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGAC 7224

Qy       2281 ProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||
Db       7225 CCAACAGACATGGACCCC 7242

RESULT 2
AF290212
LOCUS       AF290212                6942 bp    mRNA    linear   ROD 05-FEB-2001
DEFINITION  Rattus norvegicus calcium channel alpha-1-G subunit mRNA, complete
            cds.
ACCESSION   AF290212
VERSION     AF290212.2  GI:11422003
KEYWORDS    .
SOURCE      Rattus norvegicus (Norway rat)
  ORGANISM  Rattus norvegicus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6942)
  AUTHORS   McRory,J.E., Santi,C.M., Hamming,K.S., Mezeyova,J., Sutton,K.G.,
            Baillie,D.L., Stea,A. and Snutch,T.P.
  TITLE     Molecular and functional characterization of a family of rat brain
            T-type calcium channels
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 276 (6), 3999-4011 (2001)
  MEDLINE   21264893
   PUBMED   11073957
REFERENCE   2  (bases 1 to 6942)
  AUTHORS   Snutch,T.P., McRory,J.E. and Hamming,K.S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (27-JUL-2000) Biotechnology Laboratory, University of
            British Columbia, 6174 University Blvd., Vancouver, BC V6T1Z3,
            Canada
REFERENCE   3  (bases 1 to 6942)
  AUTHORS   Snutch,T.P., McRory,J.E. and Hamming,K.S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (29-NOV-2000) Biotechnology Laboratory, University of
            British Columbia, 6174 University Blvd., Vancouver, BC V6T1Z3,
            Canada
  REMARK    Sequence update by submitter
COMMENT     On Nov 29, 2000 this sequence version replaced gi:11415015.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6942
                     /organism="Rattus norvegicus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10116"
                     /tissue_type="brain"
     CDS             114..6878
                     /note="T-type calcium channel"
                     /codon_start=1
                     /product="calcium channel alpha-1-G subunit"
                     /protein_id="AAG35186.2"
                     /db_xref="GI:11422004"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFTQLNDLSGAGGRQGPGSTEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERVSMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLEPYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGEGGGGPPCSLDYETYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAIGVRAGLLSSPVARSGQEPQPSGSCTRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRVPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPTPSGGPPRGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRCPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPEILKDKALVEVAPSPGPPTLTSFNI
                     PPGPFSSMHKLLETQSTGACHSSCKISSPCSKADSGACGPDSCPYCARTGAGEPESAD
                     HVMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKI
                     VDSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVY
                     GPFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQL
                     VVLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAI
                     VTVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEG
                     DATKSESEPDFFSPSVDGDGDRKKRLALVALGEHAELRKSLLPPLIIHTAATPMSHPK
                     SSSTGVGEALGSGSRRTSSSGSAEPGAAHHEMKCPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSS
                     RNSLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEDRASPAGSDHRHRGSLERE
                     AKSSFDLPDTLQVPGLHRTASGRSSASEHQDCNGKSASGRLARTLRTDDPQLDGDDDN
                     DEGNLSKGERIQAWVRSRLPACCRERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVL
                     VIIFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAY
                     LRSSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLK
                     LVVETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAE
                     ASYRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLL
                     YFISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRSKEKQ
                     MAEAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEA
                     LKICNYIFTVIFVFESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNLS
                     LPINPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLHTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFA
                     ALGVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCD
                     QESTCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELE
                     MKTLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGVNSTDSPKPGAPHTTAHIGAASGFSLEHPTMVPHP
                     EEVPVPLGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRNGSTAERSLGHRGWGLPKAQSGSIL
                     SVHSQPADTSCILQLPKDVHYLLQPHGAPTWGAIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRT
                     DSLDVQGLGSREDLLSEVSGPSCPLTRSSSFWGGSSIQVQQRSGIQSKVSKHIRLPAP
                     CPGLEPSWAKDPPETRSSLELDTELSWISGDLLPSSQEEPLFPRDLKKCYSVETQSCR
                     RRPGFWLDEQRRHSIAVSCLDSGSQPRLCPSPSSLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSISI
                     DPPESQGSRPPCSPGVCLRRRAPASDSKDPSVSSPLDSTAASPSPKKDTLSLSGLSSD
                     PTDMDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:          6942
Score:                  11980.00         Matches:         2283
Percent Similarity:     99.78%          Conservative:    0
Best Local Similarity:  99.78%          Mismatches:      3
Query Match:            99.60%          Indels:          2
DB:                     10              Gaps:            0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF290212 (1-6942)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         16 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 75

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 135

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        136 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 195

Qy         61 ProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluA 80
              ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 CCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGG 255

Qy         80 laGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspS 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 CGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACA 315

Qy        100 erArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerM 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTA 375

Qy        120 etLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleA 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 TGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTG 435

Qy        140 laCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPheP 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 CCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCT 495

Qy        160 heAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrL 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 TTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACC 555

Qy        180 euGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrS 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 TGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATT 615

Qy        200 erLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProL 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGC 675

Qy        220 euArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 TCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCT 735

Qy        240 euProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleV 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCG 795

Qy        260 alGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheS 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 TGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCA 855

Qy        280 erLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerP 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 GCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCC 915

Qy        300 roPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrL 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 CCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACAC 975

Qy        320 euArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 TGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTT 1035

Qy        340 erSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluH 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 CCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGC 1095

Qy        360 isAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIleP 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 ACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCT 1155

Qy        380 heGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisS 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACT 1215

Qy        400 erPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 CCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCA 1275

Qy        420 snLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnL 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 ACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGC 1335

Qy        440 euMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerG 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTG 1395

Qy        460 luProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaA 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 AGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAG 1455

Qy        480 laArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerP 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 CCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCC 1515

Qy        500 roValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgA 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 CAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTC 1575

Qy        520 rgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1576 GTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGG 1635

Qy        540 lyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnG 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1636 GTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATG 1695

Qy        560 lySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProA 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1696 GGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGA 1755

Qy        580 rgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1756 GGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTT 1815

Qy        600 ysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1816 GCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGA 1875

Qy        620 ysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuV 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1876 AGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAG 1935

Qy        640 alGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyP 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1936 TGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGC 1995

Qy        660 roPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerC 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1996 CCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCT 2055

Qy        680 ysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysP 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2056 GCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTC 2115

Qy        700 roTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2116 CCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACT 2175

Qy        720 erAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspP 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2176 CAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATC 2235

Qy        740 roHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuA 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2236 CCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGG 2295

Qy        760 laPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2296 CTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCC 2355

Qy        780 rgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluG 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2356 GGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGC 2415

Qy        800 lnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheA 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2416 AGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCG 2475
```

```
Qy         820 laLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProT 840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2476 CCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCT 2535

Qy         840 yrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnG 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2536 ACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGG 2595

Qy         860 lyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgP 880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2596 GAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCT 2655

Qy         880 heLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaT 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2656 TCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCA 2715

Qy         900 hrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuP 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2716 CCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCT 2775

Qy         920 heGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheA 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2776 TTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCG 2835

Qy         940 spSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnL 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2836 ACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATA 2895

Qy         960 ysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaL 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2896 AAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCC 2955

Qy         980 euMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyP 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2956 TCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGAT 3015

Qy        1000 heGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerV 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3016 TCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTG 3075

Qy        1020 alAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaG 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3076 TGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGG 3135

Qy        1040 luLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerH 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3136 AACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCAC 3195

Qy        1060 isProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrS 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3196 ACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCA 3255

Qy        1080 erSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerA 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3256 GTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTG 3315

Qy        1100 laArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerS 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3316 CCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCA 3375

Qy        1120 erArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgA 1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3376 GCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGA 3435

Qy        1140 rgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluA 1160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3436 GGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGG 3495

Qy        1160 spArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaL 1180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3496 ACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCA 3555

Qy        1180 ysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerG 1200
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3556 AGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCG 3615

Qy        1200 lyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuA 1220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3616 GCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGG 3675

Qy        1220 laArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyA 1240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3676 CCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAA 3735

Qy        1240 snLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysA 1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3736 ATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCC 3795

Qy        1260 rgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuC 1280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3796 GAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGT 3855

Qy        1280 ysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuA 1300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3856 GTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCA 3915

Qy        1300 snCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIleP 1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3916 ACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCT 3975

Qy        1320 heLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysV 1340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3976 TCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGG 4035

Qy        1340 alValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValL 1360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4036 TGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGC 4095

Qy        1360 euAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspS 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4096 TGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACA 4155

Qy        1380 erGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProL 1400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4156 GCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCAC 4215

Qy        1400 euArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerL 1420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4216 TCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCC 4275

Qy        1420 euLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleL 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4276 TCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTC 4335

Qy        1440 euGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnI 1460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4336 TCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACA 4395

Qy        1460 leThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnP 1480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4396 TCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACT 4455

Qy        1480 heAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpV 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4456 TTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGG 4515

Qy        1500 alAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnH 1520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4516 TTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACC 4575

Qy        1520 isAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValL 1540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4576 ACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCC 4635

Qy        1540 euAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluG 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4636 TGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGG 4695

Qy       1560 luGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgS 1580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4696 AGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGA 4755

Qy       1580 erLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgP 1600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4756 GTAAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGAT 4815

Qy       1600 heArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyV 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4816 TCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTG 4875

Qy       1620 alIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuA 1640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4876 TCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGG 4935

Qy       1640 spGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValP 1660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4936 ACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTT 4995

Qy       1660 heLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspL 1680
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4996 TCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACC 5055

Qy       1680 euAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuS 1700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5056 TGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGT 5115

Qy       1700 erLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValL 1720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5116 CGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTC 5175

Qy       1720 euLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaL 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5176 TGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCC 5235

Qy       1740 euProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaL 1760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5236 TGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTC 5295

Qy       1760 euGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuG 1780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5296 TGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGG 5355

Qy       1780 lyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerT 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5356 GTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCA 5415

Qy       1800 hrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerT 1820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||       |||||||||||||||||||||
Db       5416 CTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCA 5475

Qy       1820 hrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnP 1840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5476 CCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGT 5535

Qy       1840 heValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysG 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5536 TTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAG 5595

Qy       1860 luAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerP 1880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5596 AGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCC 5655

Qy       1880 roGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnS 1900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5656 CGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACA 5715

Qy       1900 erThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5716 GTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGG 5775
```

```
Qy       1920 lyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuG 1940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5776 GCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAG 5835

Qy       1940 lyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnA 1960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5836 GACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATG 5895

Qy       1960 spSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpG 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5896 ACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGG 5955

Qy       1980 lyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrS 2000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5956 GGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCA 6015

Qy       2000 erCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProT 2020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6016 GCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCA 6075

Qy       2020 hrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProL 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6076 CCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTC 6135

Qy       2040 euArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgG 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6136 TCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGG 6195

Qy       2060 luAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheT 2080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6196 AAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCT 6255

Qy       2080 rpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysH 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6256 GGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGC 6315

Qy       2100 isIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProG 2120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6316 ACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAG 6375

Qy       2120 luThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuP 2140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6376 AGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTC 6435

Qy       2140 roSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluT 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6436 CCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGA 6495

Qy       2160 hrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleA 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6496 CCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTG 6555

Qy       2180 laValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuG 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6556 CTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCG 6615

Qy       2200 lyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerI 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6616 GGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTA 6675

Qy       2220 leSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysL 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6676 TCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCC 6735

Qy       2240 euArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspS 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6736 TCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACA 6795

Qy       2260 erThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerA 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6796 GCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTG 6855
```

```
Qy       2280 spProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||||
Db       6856 ACCCAACAGACATGGACCCC 6875

RESULT 3
RNCAA1G
LOCUS       RNCAA1G                 7542 bp    mRNA    linear   ROD 24-OCT-1998
DEFINITION  Rattus norvegicus low voltage-activated, T-type calcium channel
            alpha subunit (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF027984
VERSION     AF027984.1  GI:3786350
KEYWORDS    .
SOURCE      Rattus norvegicus (Norway rat)
  ORGANISM  Rattus norvegicus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7542)
  AUTHORS   Perez-Reyes,E., Cribbs,L.L., Daud,A., Lacerda,A.E., Barclay,J.,
            Williamson,M.P., Fox,M., Rees,M. and Lee,J.H.
  TITLE     Molecular characterization of a neuronal low-voltage-activated
            T-type calcium channel
  JOURNAL   Nature 391 (6670), 896-900 (1998)
  MEDLINE   98154730
   PUBMED   9495342
REFERENCE   2  (bases 1 to 7542)
  AUTHORS   Cribbs,L.L., Yang,J., Daud,A., Lee,J.-H. and Perez-Reyes,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-OCT-1997) Physiology, Loyola University Medical
            Center, 2160 South First Avenue, Maywood, IL 60153, USA
REFERENCE   3  (bases 1 to 7542)
  AUTHORS   Cribbs,L.L., Yang,J., Daud,A., Lee,J.-H. and Perez-Reyes,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (22-OCT-1998) Physiology, Loyola University Medical
            Center, 2160 South First Avenue, Maywood, IL 60153, USA
  REMARK    Sequence update by submitter
COMMENT     On Oct 24, 1998 this sequence version replaced gi:2921748.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..7542
                     /organism="Rattus norvegicus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="Sprague-Dawley"
                     /db_xref="taxon:10116"
                     /chromosome="17"
                     /map="17; between AFMA126YD5 and D17S798"
                     /tissue_type="brain"
                     /clone_lib="Clontech catalog number RL3005a"
     gene            1..7542
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             483..7247
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="similar to Caenorhabditis elegans C54D2.5 protein
                     encoded by the sequence presented in GenBank Accession
                     Number U37548; alpha-1G calcium channel alpha subunit"
                     /codon_start=1
                     /product="low voltage-activated, T-type calcium channel
                     alpha subunit"
                     /protein_id="AAC67372.1"
                     /db_xref="GI:3786351"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFTQLNDLSGAGGRQGPGSTEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERVSMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLEPYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGEGGGGPPCSLDYETYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAIGVRAGLLSSPVARSGQEPQPSGSCTRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRVPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPTPSGGPPRGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRCPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPEILKDKALVEVAPSPGPPTLTSFNI
                     PPGPFSSMHKLLETQSTGACHSSCKISSPCSKADSGACGPDSCPYCARTGAGEPESAD
                     HVMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKI
                     VDSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVY
```

```
                     GPFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQL
                     VVLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAI
                     VTVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEG
                     DATKSESEPDFFSPSVDGDGDRKKRLALVALGEHAELRKSLLPPLIIHTAATPMSHPK
                     SSSTGVGEALGSGSRRTSSSGSAEPGAAHHEMKCPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSS
                     RNSLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEDRASPAGSDHRHRGSLERE
                     AKSSFDLPDTLQVPGLHRTASGRSSASEHQDCNGKSASGRLARTLRTDDPQLDGDDDN
                     DEGNLSKGERIQAWVRSRLPACCRERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVL
                     VIIFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAY
                     LRSSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLK
                     LVVETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAE
                     ASYRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLL
                     YFISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRSKEKQ
                     MAEAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEA
                     LKICNYIFTVIFVFESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNLS
                     LPINPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLHTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFA
                     ALGVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCD
                     QESTCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELE
                     MKTLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGVNSTDSPKPGAPHTTAHIGAASGFSLEHPTMVPHP
                     EEVPVPLGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRNGSTAERSLGHRGWGLPKAQSGSIL
                     SVHSQPADTSCILQLPKDVHYLLQPHGAPTWGAIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRT
                     DSLDVQGLGSREDLLSEVSGPSCPLTRSSSFWGGSSIQVQQRSGIQSKVSKHIRLPAP
                     CPGLEPSWAKDPPETRSSLELDTELSWISGDLLPSSQEEPLFPRDLKKCYSVETQSCR
                     RRPGFWLDEQRRHSIAVSCLDSGSQPRLCPSPSSLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSISI
                     DPPESQGSRPPCSPGVCLRRRAPASDSKDPSVSSPLDSTAASPSPKKDTLSLSGLSSD
                     PTDMDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:             0              Length:         7542
Score:                 11980.00        Matches:        2283
Percent Similarity:    99.78%         Conservative:   0
Best Local Similarity: 99.78%         Mismatches:     3
Query Match:           99.60%         Indels:         2
DB:                    10             Gaps:           0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x RNCAA1G (1-7542)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        385 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 444

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        445 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 504

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        505 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 564

Qy         61 ProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluA 80
              ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        565 CCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGG 624

Qy         80 laGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspS 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        625 CGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACA 684

Qy        100 erArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerM 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        685 GCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTA 744

Qy        120 etLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleA 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        745 TGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTG 804

Qy        140 laCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPheP 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        805 CCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCT 864

Qy        160 heAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrL 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        865 TTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACC 924
```

```
Qy    180 euGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrS 200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    925 TGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATT 984

Qy    200 erLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProL 220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    985 CGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGC 1044

Qy    220 euArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrL 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1045 TCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCT 1104

Qy    240 euProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleV 260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1105 TGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCG 1164

Qy    260 alGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheS 280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1165 TGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCA 1224

Qy    280 erLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerP 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1225 GCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCC 1284

Qy    300 roPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrL 320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1285 CCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACAC 1344

Qy    320 euArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1345 TGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTT 1404

Qy    340 erSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluH 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1405 CCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGC 1464

Qy    360 isAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIleP 380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1465 ACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCT 1524

Qy    380 heGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisS 400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1525 TCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACT 1584

Qy    400 erPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleA 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1585 CCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCA 1644

Qy    420 snLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnL 440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1645 ACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGC 1704

Qy    440 euMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerG 460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1705 TGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTG 1764

Qy    460 luProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaA 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1765 AGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAG 1824

Qy    480 laArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerP 500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1825 CCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCC 1884

Qy    500 roValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgA 520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1885 CAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTC 1944

Qy    520 rgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuG 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1945 GTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGG 2004
```

```
Qy    540 lyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnG 560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2005 GTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATG 2064

Qy    560 lySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProA 580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2065 GGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGA 2124

Qy    580 rgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2125 GGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTT 2184

Qy    600 ysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyL 620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2185 GCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGA 2244

Qy    620 ysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuV 640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2245 AGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAG 2304

Qy    640 alGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyP 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2305 TGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGC 2364

Qy    660 roPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerC 680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2365 CCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCT 2424

Qy    680 ysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysP 700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2425 GCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTC 2484

Qy    700 roTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspS 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2485 CCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACT 2544

Qy    720 erAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspP 740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2545 CAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATC 2604

Qy    740 roHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuA 760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2605 CCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGG 2664

Qy    760 laPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyA 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2665 CTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCC 2724

Qy    780 rgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluG 800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2725 GGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGC 2784

Qy    800 lnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheA 820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2785 AGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCG 2844

Qy    820 laLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProT 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2845 CCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCT 2904

Qy    840 yrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnG 860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2905 ACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGG 2964

Qy    860 lyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgP 880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2965 GAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCT 3024

Qy    880 heLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaT 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3025 TCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCA 3084

Qy    900 hrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuP 920
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3085 CCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCT 3144

Qy     920 heGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheA 940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3145 TTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCG 3204

Qy     940 spSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnL 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3205 ACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATA 3264

Qy     960 ysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaL 980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3265 AAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCC 3324

Qy     980 euMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyP 1000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3325 TCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGAT 3384

Qy    1000 heGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerV 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3385 TCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTG 3444

Qy    1020 alAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaG 1040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3445 TGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGG 3504

Qy    1040 luLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerH 1060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3505 AACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCAC 3564

Qy    1060 isProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrS 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3565 ACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCA 3624

Qy    1080 erSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerA 1100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3625 GTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTG 3684

Qy    1100 laArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerS 1120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3685 CCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCA 3744

Qy    1120 erArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgA 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3745 GCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGA 3804

Qy    1140 rgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluA 1160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3805 GGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGG 3864

Qy    1160 spArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaL 1180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3865 ACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCA 3924

Qy    1180 ysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerG 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3925 AGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCG 3984

Qy    1200 lyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuA 1220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3985 GCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGG 4044

Qy    1220 laArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyA 1240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4045 CCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAA 4104

Qy    1240 snLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4105 ATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCC 4164

Qy    1260 rgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuC 1280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4165 GAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGT 4224

Qy    1280 ysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuA 1300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4225 GTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCA 4284

Qy    1300 snCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIleP 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4285 ACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCT 4344

Qy    1320 heLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysV 1340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4345 TCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGG 4404

Qy    1340 alValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValL 1360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4405 TGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGC 4464

Qy    1360 euAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspS 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4465 TGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACA 4524

Qy    1380 erGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProL 1400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4525 GCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCAC 4584

Qy    1400 euArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerL 1420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4585 TCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCC 4644

Qy    1420 euLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleL 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4645 TCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTC 4704

Qy    1440 euGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnI 1460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4705 TCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACA 4764

Qy    1460 leThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnP 1480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4765 TCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACT 4824

Qy    1480 heAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpV 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4825 TTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGG 4884

Qy    1500 alAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnH 1520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4885 TTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACC 4944

Qy    1520 isAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValL 1540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4945 ACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCC 5004

Qy    1540 euAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluG 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5005 TGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGG 5064

Qy    1560 luGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgS 1580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5065 AGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGA 5124

Qy    1580 erLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgP 1600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5125 GTAAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGAT 5184

Qy    1600 heArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyV 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5185 TCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTG 5244

Qy    1620 alIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuA 1640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5245 TCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGG 5304
```

```
Qy       1640 spGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValP 1660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5305 ACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTT 5364

Qy       1660 heLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspL 1680
              |||||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5365 TCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACC 5424

Qy       1680 euAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuS 1700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5425 TGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGT 5484

Qy       1700 erLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValL 1720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5485 CGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTC 5544

Qy       1720 euLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaL 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5545 TGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCC 5604

Qy       1740 euProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaL 1760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5605 TGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTC 5664

Qy       1760 euGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuG 1780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5665 TGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGG 5724

Qy       1780 lyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerT 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5725 GTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCA 5784

Qy       1800 hrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerT 1820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||       |||||||||||||||||||||
Db       5785 CTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCA 5844

Qy       1820 hrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnP 1840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5845 CCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGT 5904

Qy       1840 heValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysG 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5905 TTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAG 5964

Qy       1860 luAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerP 1880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5965 AGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCC 6024

Qy       1880 roGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnS 1900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6025 CGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACA 6084

Qy       1900 erThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6085 GTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGG 6144

Qy       1920 lyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuG 1940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6145 GCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAG 6204

Qy       1940 lyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnA 1960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6205 GACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATG 6264

Qy       1960 spSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpG 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6265 ACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGG 6324

Qy       1980 lyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrS 2000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6325 GGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCA 6384

Qy       2000 erCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProT 2020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6385 GCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCA 6444

Qy       2020 hrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProL 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6445 CCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTC 6504

Qy       2040 euArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgG 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6505 TCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGG 6564

Qy       2060 luAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheT 2080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6565 AAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCT 6624

Qy       2080 rpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysH 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6625 GGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGC 6684

Qy       2100 isIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProG 2120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6685 ACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAG 6744

Qy       2120 luThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuP 2140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6745 AGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTC 6804

Qy       2140 roSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluT 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6805 CCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGA 6864

Qy       2160 hrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleA 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6865 CCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTG 6924

Qy       2180 laValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuG 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6925 CTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCG 6984

Qy       2200 lyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerI 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6985 GGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTA 7044

Qy       2220 leSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysL 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7045 TCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCC 7104

Qy       2240 euArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspS 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7105 TCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACA 7164

Qy       2260 erThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerA 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7165 GCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTG 7224

Qy       2280 spProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||||
Db       7225 ACCCAACAGACATGGACCCC 7244

RESULT 4
BD224079
LOCUS       BD224079                7285 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  T-type calcium channel.
ACCESSION   BD224079
VERSION     BD224079.1  GI:33033849
KEYWORDS    JP 2002525077-A/2.
SOURCE      Rattus sp.
  ORGANISM  Rattus sp.
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7285)
```

```
  AUTHORS   Li,M.
  TITLE     T-type calcium channel
  JOURNAL   Patent: JP 2002525077-A 2 13-AUG-2002;
            SOUTH ALABAMA MEDICAL SCIENCE FOUNDATION
COMMENT     OS   Rattus sp. (rat)
            PN   JP 2002525077-A/2
            PD   13-AUG-2002
            PF   26-AUG-1999 JP 2000570372
            PR   26-AUG-1998 US    60/098004,27-JAN-1999 US    60/117399 PI
            MING LI
            PC   C12N15/09,A61K31/711,A61K45/00,A61K48/00,A61P3/10,C07K14/47,
            PC   C07K16/18,
            PC   C12N1/15,C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/00,C12Q1/68,G01N33/
            PC   15,G01N33/50,
            PC
            G01N33/53,G01N33/53,G01N33/566,G01N33/577,G01N33/58,G01N33/68// PC
             C12P21/08,
            PC   C12N15/00,C12N5/00
            CC   T-type calcium channel
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FT   source          1. .7285
            FT                   /organism='Rattus sp. (rat)'.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7285
                     /organism="Rattus sp."
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10118"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                 0              Length:        7285
Score:                     11829.00        Matches:       2270
Percent Similarity:        97.72%         Conservative:  1
Best Local Similarity:     97.68%         Mismatches:    15
Query Match:               98.35%         Indels:        38
DB:                        6              Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BD224079 (1-7285)

Qy         1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
             ||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        57 ATGCTCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTC 116

Qy        20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       117 GCCCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGG 176

Qy        40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       177 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGG 236

Qy        60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
             ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       237 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 296

Qy        79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       297 GGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 356

Qy        99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       357 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 416

Qy       119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       417 TATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 476

Qy       139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       477 TGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTT 536

Qy       159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       537 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTA 596

Qy       179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       597 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTA 656

Qy       199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       657 TTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 716

Qy       219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       717 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACAC 776

Qy       239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       777 CTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 836

Qy       259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       837 CGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGATGCTTCCTCCCCGAGAACTT 896

Qy       279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       897 CAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 956

Qy       299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       957 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCAC 1016

Qy       319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1017 ACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAG 1076

Qy       339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1077 TTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGA 1136

Qy       359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1137 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1196

Qy       379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1197 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCA 1256

Qy       399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1257 CTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGAT 1316

Qy       419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1317 CAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCA 1376

Qy       439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1377 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1436

Qy       459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1437 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGC 1496

Qy       479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1497 AGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAG 1556

Qy       499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1557 CCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCG 1616

Qy       519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1617 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1676
```

```
Qy        539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1677 GGGTAATGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1736

Qy        559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1737 TGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 1796

Qy        579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1797 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 1856

Qy        599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1857 TTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGG 1916

Qy        619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1917 GAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACT 1976

Qy        639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1977 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGG 2036

Qy        659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2037 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2096

Qy        679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2097 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTG 2156

Qy        699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2157 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGA 2216

Qy        719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2217 CTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGA 2276

Qy        739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2277 TCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2336

Qy        759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2337 GGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2396

Qy        779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2397 CCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2456

Qy        799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2457 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2516

Qy        819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2517 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCC 2576

Qy        839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2577 CTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2636

Qy        859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2637 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCG 2696

Qy        879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2697 CTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2756

Qy        899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2757 CACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCT 2816

Qy        919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2817 CTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 2876

Qy        939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2877 CGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 2936

Qy        959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2937 TAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 2996

Qy        979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2997 CCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGG 3056

Qy        999 yPheGlnAlaGlu----------------------------------------------- 1003
              |||||||||||||
Db       3057 ATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCA 3116

Qy       1004 ---------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePh 1016
                                   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3117 GCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTT 3176

Qy       1016 eSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGl 1036
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3177 TTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGG 3236

Qy       1036 yGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaTh 1056
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3237 AGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGAC 3296

Qy       1056 rProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySe 1076
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3297 ACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTC 3356

Qy       1076 rArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCy 1096
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3357 TCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATC 3416

Qy       1096 sProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSe 1116
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3417 TCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAG 3476

Qy       1116 rArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSe 1136
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3477 CAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAG 3536

Qy       1136 rGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSe 1156
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3537 CGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAG 3596

Qy       1156 rSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGl 1176
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3597 TTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGA 3656

Qy       1176 uArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisAr 1196
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3657 ACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCG 3716

Qy       1196 gThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSe 1216
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3717 CACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTC 3776

Qy       1216 rGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAs 1236
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3777 AGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAA 3836

Qy       1236 nAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPr 1256
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3837 TGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCC 3896

Qy       1256 oAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPh 1276
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3897 TGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTT 3956

Qy       1276 eArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIl 1296
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3957 TCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCAT 4016

Qy       1296 eIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAl 1316
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4017 CATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGC 4076

Qy       1316 aGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMe 1336
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4077 TGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAAT 4136

Qy       1336 tThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSe 1356
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4137 GACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAG 4196

Qy       1356 rTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMe 1376
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4197 CTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCAT 4256

Qy       1376 tValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgTh 1396
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4257 GGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGAC 4316

Qy       1396 rLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLe 1416
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4317 CCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCT 4376

Qy       1416 uMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIl 1436
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4377 GATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCAT 4436

Qy       1436 ePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAs 1456
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4437 TTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGA 4496

Qy       1456 pThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHi 1476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4497 CACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCA 4556

Qy       1476 sLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLy 1496
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4557 CAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAA 4616

Qy       1496 sAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPr 1516
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4617 GGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCC 4676

Qy       1516 oIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAl 1536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4677 CATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGC 4736

Qy       1536 aPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGl 1556
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4737 CTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACA 4796

Qy       1556 nHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLy 1576
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4797 GCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAA 4856

Qy       1576 sLysArgArg---------------------------------SerLysGluLysGlnMe 1585
              ||||||||||                                 |||
Db       4857 AAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGC 4916

Qy       1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHi 1605
               :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4917 GTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCA 4976

Qy       1605 sHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVa 1625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4977 CCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGT 5036

Qy       1625 lValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIl 1645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5037 GGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGAT 5096

Qy       1645 eCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPh 1665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5097 CTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTT 5156

Qy       1665 eAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLe 1685
              |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5157 TGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCT 5216

Qy       1685 uSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnPr 1705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||
Db       5217 GTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATGCTTCGCTGCCCATCAACCC 5276

Qy       1705 oThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMe 1725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5277 CACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGAT 5336

Qy       1725 tAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAs 1745
              |||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5337 GGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAA 5396

Qy       1745 nLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPh 1765
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5397 CCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTT 5456

Qy       1765 eGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPh 1785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5457 TGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTT 5516

Qy       1785 eArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAs 1805
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5517 TAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAA 5576

Qy       1805 nGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVa 1825
              ||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5577 TGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGT 5636

Qy       1825 lIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnVa 1845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5637 CATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGT 5696

Qy       1845 lValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAl 1865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5697 GGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGC 5756

Qy       1865 aGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5757 CGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCC 5816

Qy       1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLy 1905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db       5817 GCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTCCTGACAGCCCTAA 5876

Qy       1905 sProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHi 1925
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5877 GCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCA 5936

Qy       1925 sProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuTh 1945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5937 CCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGAC 5996

Qy       1945 rValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysAr 1965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5997 TGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCG 6056
```

```
Qy       1965 gAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGl 1985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6057 CAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCA 6116

Qy       1985 nSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLe 2005
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6117 GTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCT 6176

Qy       2005 uProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePr 2025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6177 TCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCCCCACCTGGGGCGCCATCCC 6236

Qy       2025 oLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAl 2045
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6237 TAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGC 6296

Qy       2045 aIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGl 2065
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6297 AATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGA 6356

Qy       2065 uValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIl 2085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6357 GGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCAT 6416

Qy       2085 eGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAl 2105
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6417 CCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGC 6476

Qy       2105 aProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLe 2125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6477 CCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTT 6536

Qy       2125 uGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGl 2145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6537 AGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGA 6596

Qy       2145 uProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgAr 2165
              |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6597 ACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCG 6656

Qy       2165 gArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAs 2185
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6657 CAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGA 6716

Qy       2185 pSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGl 2205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6717 CAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGG 6776

Qy       2205 yGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProPr 2225
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6777 GGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCC 6836

Qy       2225 oGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaPr 2245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6837 GGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCC 6896

Qy       2245 oAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerPr 2265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6897 GGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACC 6956

Qy       2265 oSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAs 2285
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6957 CTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGA 7016

Qy       2285 pPro 2286
              ||||
Db       7017 CCCC 7020

RESULT 5
AF125161
LOCUS       AF125161                7286 bp    mRNA    linear   ROD 19-OCT-2001
DEFINITION  Rattus norvegicus T-type calcium channel isoform mRNA, complete
```

```
            cds.
ACCESSION   AF125161
VERSION     AF125161.1  GI:4633669
KEYWORDS    .
SOURCE      Rattus norvegicus (Norway rat)
  ORGANISM  Rattus norvegicus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7286)
  AUTHORS   Zhuang,H., Bhattacharjee,A., Hu,F., Zhang,M., Goswami,T., Wang,L.,
            Wu,S., Berggren,P.O. and Li,M.
  TITLE     Cloning of a T-type Ca2+ channel isoform in insulin-secreting cells
  JOURNAL   Diabetes 49 (1), 59-64 (2000)
  MEDLINE   20081696
   PUBMED   10615950
REFERENCE   2  (bases 1 to 7286)
  AUTHORS   Zhuang,H., Hu,F., Bhattacharjee,A., Zhang,M., Wu,S., Berggren,P.
            and Li,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (01-FEB-1999) Pharmacology, University of South Alabama,
            Mobile, AL 36608, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7286
                     /organism="Rattus norvegicus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10116"
                     /chromosome="17"
                     /map="17; between AFMA126YD5 and D17S798"
                     /cell_line="INS-1"
                     /tissue_type="pancreas"
     CDS             158. .7024
                     /note="a1G subunit"
                     /codon_start=1
                     /product="T-type calcium channel isoform"
                     /protein_id="AAD26858.1"
                     /db_xref="GI:4633670"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFTQLNDLSGAGGRQGPGSTEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERVSMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLEPYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGEGGGGPPCSLDYETYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAIGVRAGLLSSPVARSGQEPQPSGSCTRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRVPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPTPSGGPPRGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRCPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPEILKDKALVEVAPSPGPPTLTSFNI
                     PPGPFSSMHKLLETQSTGACHSSCKISSPCSKADSGACGPDSCPYCARTGAGEPESAD
                     HVMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKI
                     VDSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVY
                     GPFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQL
                     VVLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAI
                     VTVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEE
                     IGKREDASGQLSCIQLPVNSQGGDATKSESEPDFFSPSVDGDGDRKKRLALVALGEHA
                     ELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKSSSTGVGEALGSGSRRTSSSGSAEPGAAHHEMKSP
                     PSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRNSLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEE
                     SSEEDRASPAGSDHRHRGSLEREAKSSFDLPDTLQVPGLHRTASGRSSASEHQDCNGK
                     SASGRLARTLRTDDPQLDGDDDNDEGNLSKGERIQAWVRSRLPACCRERDSWSAYIFP
                     PQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVIIFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFT
                     AVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLRSSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGM
                     LRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLVVETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLF
                     KGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEASYRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIM
                     YDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYFISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEE
                     EARRREEKRLRRLEKKRRNLMLDDVIASGSSASAASEAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLC
                     TSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALKICNYIFTVIFVFESVFKLVAFG
                     FRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLPINPTIIRIMRVLRIARVLKLLK
                     MAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAALGVELFGDLECDETHPCEGLGRH
                     ATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQESTCYNTVISPIYFVSFVLTAQF
                     VLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMKTLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGV
                     NSPDSPKPGAPHTTAHIGAASGFSLEHPTMVPHPEEVPVPLGPDLLTVRKSGVSRTHS
                     LPNDSYMCRNGSTAERSLGHRGWGLPKAQSGSILSVHSQPADTSCILQLPKDVHYLLQ
                     PHGAPTWGAIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQGLGSREDLLSEVSGPSCP
```

```
                  LTRSSSFWGGSSIQVQQRSGIQSKVSKHIRLPAPCPGLEPSWAKDPPETRSSLELDTE
                  LSWISGDLLPSSQEEPLSPRDLKKCYSVETQSCRRRPGSWLDEQRRHSIAVSCLDSGS
                  QPRLCPSPSSLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSISIDPPESQGSRPPCSPGVCLRRRAPA
                  SDSKDPSVSSPLDSTAASPSPKKDTLSLSGLSSDPTDMDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         7286
Score:                  11829.00        Matches:       2270
Percent Similarity:     97.72%         Conservative:   1
Best Local Similarity:  97.68%         Mismatches:     15
Query Match:            98.35%         Indels:         38
DB:                     10             Gaps:           2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF125161 (1-7286)

Qy          1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
              ||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         58 ATGCTCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTC 117

Qy         20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        118 GCCCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGG 177

Qy         40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        178 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGG 237

Qy         60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
              ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        238 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 297

Qy         79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        298 GGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 357

Qy         99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        358 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 417

Qy        119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        418 TATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 477

Qy        139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        478 TGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTT 537

Qy        159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        538 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTA 597

Qy        179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        598 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTA 657

Qy        199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        658 TTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 717

Qy        219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        718 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACAC 777

Qy        239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        778 CTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 837

Qy        259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        838 CGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGATGCTTCCTCCCCGAGAACTT 897

Qy        279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        898 CAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 957

Qy        299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        958 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCAC 1017

Qy        319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1018 ACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAG 1077

Qy        339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1078 TTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGA 1137

Qy        359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1138 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1197

Qy        379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1198 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCA 1257

Qy        399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1258 CTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGAT 1317

Qy        419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1318 CAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCA 1377

Qy        439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1378 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1437

Qy        459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1438 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGC 1497

Qy        479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1498 AGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAG 1557

Qy        499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1558 CCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCG 1617

Qy        519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1618 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1677

Qy        539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1678 GGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1737

Qy        559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1738 TGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 1797

Qy        579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1798 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 1857

Qy        599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1858 TTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGG 1917

Qy        619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1918 GAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACT 1977

Qy        639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1978 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGG 2037

Qy    659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2038 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2097

Qy    679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2098 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTG 2157

Qy    699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2158 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGA 2217

Qy    719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2218 CTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGA 2277

Qy    739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2278 TCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2337

Qy    759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2338 GGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2397

Qy    779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2398 CCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2457

Qy    799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2458 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2517

Qy    819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2518 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCC 2577

Qy    839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2578 CTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2637

Qy    859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2638 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCG 2697

Qy    879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2698 CTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2757

Qy    899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2758 CACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCT 2817

Qy    919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2818 CTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 2877

Qy    939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2878 CGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 2937

Qy    959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2938 TAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 2997

Qy    979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2998 CCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGG 3057

Qy    999 yPheGlnAlaGlu----------------------------------------------- 1003
          |||||||||||||
Db   3058 ATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCA 3117

Qy   1004 ---------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePh 1016
                               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3118 GCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTT 3177

Qy   1016 eSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGl 1036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3178 TTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGG 3237

Qy   1036 yGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaTh 1056
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3238 AGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGAC 3297

Qy   1056 rProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySe 1076
          ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3298 ACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTC 3357

Qy   1076 rArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCy 1096
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3358 TCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATC 3417

Qy   1096 sProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSe 1116
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3418 TCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAG 3477

Qy   1116 rArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSe 1136
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3478 CAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAG 3537

Qy   1136 rGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSe 1156
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3538 CGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAG 3597

Qy   1156 rSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGl 1176
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3598 TTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGA 3657

Qy   1176 uArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisAr 1196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3658 ACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCG 3717

Qy   1196 gThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSe 1216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3718 CACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTC 3777

Qy   1216 rGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAs 1236
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3778 AGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAA 3837

Qy   1236 nAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPr 1256
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3838 TGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCC 3897

Qy   1256 oAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPh 1276
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3898 TGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTT 3957

Qy   1276 eArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIl 1296
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3958 TCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCAT 4017

Qy   1296 eIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAl 1316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4018 CATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGC 4077

Qy   1316 aGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMe 1336
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4078 TGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAAT 4137

Qy   1336 tThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSe 1356
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4138 GACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAG 4197
```

```
Qy   1356 rTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMe 1376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4198 CTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCAT 4257

Qy   1376 tValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgTh 1396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4258 GGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGAC 4317

Qy   1396 rLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLe 1416
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4318 CCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCT 4377

Qy   1416 uMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIl 1436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4378 GATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCAT 4437

Qy   1436 ePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAs 1456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4438 TTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGA 4497

Qy   1456 pThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHi 1476
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4498 CACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCA 4557

Qy   1476 sLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLy 1496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4558 CAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAA 4617

Qy   1496 sAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPr 1516
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4618 GGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCC 4677

Qy   1516 oIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAl 1536
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4678 CATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGC 4737

Qy   1536 aPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGl 1556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4738 CTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACA 4797

Qy   1556 nHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLy 1576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4798 GCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAA 4857

Qy   1576 sLysArgArg---------------------------------SerLysGluLysGlnMe 1585
          ||||||||||                                 |||
Db   4858 AAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGC 4917

Qy   1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHi 1605
           :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4918 GTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCA 4977

Qy   1605 sHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVa 1625
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4978 CCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGT 5037

Qy   1625 lValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIl 1645
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5038 GGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGAT 5097

Qy   1645 eCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPh 1665
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5098 CTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTT 5157

Qy   1665 eAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLe 1685
          |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5158 TGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCT 5217

Qy   1685 uSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnPr 1705
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||
Db   5218 GTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATGCTTCGCTGCCCATCAACCC 5277

Qy   1705 oThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMe 1725
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5278 CACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGAT 5337

Qy   1725 tAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAs 1745
          |||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5338 GGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAA 5397

Qy   1745 nLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPh 1765
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5398 CCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTT 5457

Qy   1765 eGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPh 1785
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5458 TGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTT 5517

Qy   1785 eArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAs 1805
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5518 TAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAA 5577

Qy   1805 nGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVa 1825
          ||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5578 TGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGT 5637

Qy   1825 lIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnVa 1845
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5638 CATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGT 5697

Qy   1845 lValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAl 1865
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5698 GGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGC 5757

Qy   1865 aGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5758 CGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCC 5817

Qy   1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLy 1905
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db   5818 GCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTCCTGACAGCCCTAA 5877

Qy   1905 sProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHi 1925
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5878 GCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCA 5937

Qy   1925 sProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuTh 1945
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5938 CCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGAC 5997

Qy   1945 rValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysAr 1965
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5998 TGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCG 6057

Qy   1965 gAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGl 1985
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6058 CAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCA 6117

Qy   1985 nSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLe 2005
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6118 GTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCT 6177

Qy   2005 uProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePr 2025
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6178 TCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCCCCACCTGGGGCGCCATCCC 6237

Qy   2025 oLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAl 2045
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6238 TAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGC 6297

Qy   2045 aIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGl 2065
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6298 AATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGA 6357

Qy   2065 uValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIl 2085
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6358 GGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCAT 6417

Qy       2085 eGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAl 2105
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6418 CCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGC 6477

Qy       2105 aProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLe 2125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6478 CCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTT 6537

Qy       2125 uGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGl 2145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6538 AGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGA 6597

Qy       2145 uProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgAr 2165
              |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6598 ACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCG 6657

Qy       2165 gArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAs 2185
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6658 CAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGA 6717

Qy       2185 pSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGl 2205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6718 CAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGG 6777

Qy       2205 yGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProPr 2225
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6778 GGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCC 6837

Qy       2225 oGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaPr 2245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6838 GGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCC 6897

Qy       2245 oAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerPr 2265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6898 GGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACC 6957

Qy       2265 oSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAs 2285
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6958 CTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGA 7017

Qy       2285 pPro 2286
              ||||
Db       7018 CCCC 7021

RESULT 6
BD224078
LOCUS       BD224078                7129 bp    DNA     linear   PAT 17-JUL-2003
DEFINITION  T-type calcium channel.
ACCESSION   BD224078
VERSION     BD224078.1  GI:33033848
KEYWORDS    JP 2002525077-A/1.
SOURCE      Rattus sp.
  ORGANISM  Rattus sp.
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae;
            Rattus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7129)
  AUTHORS   Li,M.
  TITLE     T-type calcium channel
  JOURNAL   Patent: JP 2002525077-A 1 13-AUG-2002;
            SOUTH ALABAMA MEDICAL SCIENCE FOUNDATION
COMMENT     OS   Rattus sp. (rat)
            PN   JP 2002525077-A/1
            PD   13-AUG-2002
            PF   26-AUG-1999 JP 2000570372
            PR   26-AUG-1998 US    60/098004,27-JAN-1999 US    60/117399 PI
            MING LI
            PC   C12N15/09,A61K31/711,A61K45/00,A61K48/00,A61P3/10,C07K14/47,
            PC   C07K16/18,
            PC   C12N1/15,C12N1/19,C12N1/21,C12N5/10,C12N9/00,C12Q1/68,G01N33/
            PC   15,G01N33/50,
            PC
            G01N33/53,G01N33/53,G01N33/566,G01N33/577,G01N33/58,G01N33/68// PC
             C12P21/08,
            PC   C12N15/00,C12N5/00
            CC   T-type calcium channel
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FT   source          1. .7129
            FT                   /organism='Rattus sp. (rat)'.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7129
                     /organism="Rattus sp."
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10118"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0                 Length:         7129
Score:                  11673.00           Matches:        2237
Percent Similarity:     97.77%            Conservative:   1
Best Local Similarity:  97.73%            Mismatches:     15
Query Match:            97.05%            Indels:         36
DB:                     6                 Gaps:           2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BD224078 (1-7129)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
              |||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||  |||||||||||||||||||
Db         62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGAT 721
```

```
Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy         613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGAAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy         633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy         653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy         673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy         693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy         713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy         733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy         753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy         773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy         793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy         813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy         833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461

Qy         853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy         873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy         893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy         913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy         933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy         953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy         973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy         993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
               ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2941

Qy    1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                    |||||||||||||||||||
Db    2942 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGGAGATGCCACCAAGTCTG 3001

Qy    1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3002 AGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCT 3061

Qy    1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3062 TGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCA 3121

Qy    1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
           |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db    3122 TCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGG 3181

Qy    1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3182 AAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTG 3241

Qy    1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
           |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3242 CCCACCATGAGATGAAATCTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTG 3301

Qy    1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3302 CGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCC 3361

Qy    1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3362 TAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGA 3421

Qy    1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3422 GTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATC 3481

Qy    1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3482 GCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGC 3541

Qy    1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3542 AGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACT 3601

Qy    1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3602 GTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAAC 3661

Qy    1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3662 TGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCT 3721

Qy    1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3722 GGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCT 3781

Qy    1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3782 TTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTG 3841

Qy    1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3842 ACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCA 3901

Qy    1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3902 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGG 3961

Qy    1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3962 CAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGC 4021

Qy    1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4022 AGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCA 4081

Qy    1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4082 TCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGG 4141

Qy    1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4142 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGA 4201

Qy    1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4202 AGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTT 4261

Qy    1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4262 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCT 4321

Qy    1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4322 TCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCA 4381

Qy    1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4382 GCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCC 4441

Qy    1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4442 TGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTG 4501

Qy    1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4502 TGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCT 4561

Qy    1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4562 CCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGA 4621

Qy    1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4622 ACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGC 4681

Qy    1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
           |||||||||||||||||||||||||||||
Db    4682 GACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4741

Qy    1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
             |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4742 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGA 4801

Qy    1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4802 GATTCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTG 4861

Qy    1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4862 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCC 4921

Qy    1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4922 TGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAG 4981

Qy    1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
           ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4982 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5041

Qy    1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5042 ACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATG 5101
```

```
Qy        1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5102 CTTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAG 5161

Qy        1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db        5162 TTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5221

Qy        1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5222 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAG 5281

Qy        1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5282 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCT 5341

Qy        1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5342 TGGGTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCT 5401

Qy        1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db        5402 CCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5461

Qy        1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5462 CCACCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5521

Qy        1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5522 AGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACA 5581

Qy        1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5582 AAGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCA 5641

Qy        1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5642 GCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCA 5701

Qy        1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
               |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5702 ACAGTCCTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCT 5761

Qy        1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProL 1939
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5762 CGGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCC 5821

Qy        1939 euGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProA 1959
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5822 TAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCA 5881

Qy        1959 snAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyT 1979
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5882 ATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCT 5941

Qy        1979 rpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspT 1999
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5942 GGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACA 6001

Qy        1999 hrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaP 2019
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6002 CCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCC 6061

Qy        2019 roThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgP 2039
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6062 CCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGC 6121

Qy        2039 roLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerA 2059
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6122 CTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCC 6181

Qy        2059 rgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerP 2079
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6182 GGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCT 6241

Qy        2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6242 TCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCA 6301

Qy        2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6302 AGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTC 6361

Qy        2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6362 CAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCC 6421

Qy        2139 euProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValG 2159
               ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6422 TTCCCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAG 6481

Qy        2159 luThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerI 2179
               |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        6482 AGACCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCA 6541

Qy        2179 leAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerL 2199
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6542 TTGCTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCC 6601

Qy        2199 euGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProS 2219
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6602 TCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCA 6661

Qy        2219 erIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValC 2239
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6662 GTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCT 6721

Qy        2239 ysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuA 2259
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6722 GCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTG 6781

Qy        2259 spSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerS 2279
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6782 ACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTT 6841

Qy        2279 erAspProThrAspMetAspPro 2286
               |||||||||||||||||||||||
Db        6842 CTGACCCAACAGACATGGACCCC 6864

RESULT 7
MMU012569
LOCUS       MMU012569                7625 bp    mRNA    linear   ROD 09-APR-1999
DEFINITION  Mus musculus mRNA for voltage-gated calcium channel, alpha-1-G
            subunit.
ACCESSION   AJ012569
VERSION     AJ012569.1  GI:4584687
KEYWORDS    alfa-1-G subunit; voltage-gated calcium channel.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Klugbauer,N., Marais,E., Lacinova,L. and Hofmann,F.
  TITLE     A T-type calcium channel from mouse brain
  JOURNAL   Pflugers Arch. 437 (5), 710-715 (1999)
  MEDLINE   99189326
   PUBMED   10087148
REFERENCE   2  (bases 1 to 7625)
  AUTHORS   Klugbauer,N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (03-NOV-1998) Klugbauer N., Institut fuer Pharmakologie
            und Toxikologie, Technische Universitaet Muenchen, Biedersteiner
            Str. 29, 80802 Muenchen, GERMANY
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7625
```

```
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /tissue_type="brain"
                     /dev_stage="adult"
     CDS             109..6996
                     /codon_start=1
                     /product="voltage-gated calcium channel, alpha-1-G
                     subunit"
                     /protein_id="CAB40793.1"
                     /db_xref="GI:4584688"
                     /db_xref="GOA:Q9WUT2"
                     /db_xref="UniProt/TrEMBL:Q9WUT2"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFTQLNDLSGAGGRQGPGSTEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERVSMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLEPYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGEGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAVGVRAGLLSSPVARGGQEPQPSGSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRVPRASPEIQDRDANGSRWLMLPPPSTPTPSGGPPRGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPEMLKDKALVEVAPSPGPPTLTTFNI
                     PPGPFSSMHKLLETQSTGACHSSCKISSPCSKADSGACGPDSCPYCARTGAGEPESAD
                     HEMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHRRRRPSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEEI
                     GKREDTSGQLSCIQLPVNSQGGDATKSESEPDFFSPSVDGDGDRKKRLALVALGEHSE
                     LRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKSSSTGVGEALGSGSRRTSSSGSAEPGTAHHEMKSPP
                     SARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRNSLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEES
                     SEEDRASPAGSDHRHRGSLEREAKSSFDLPDTLQVPGLHRTASGRSSASEHQDCNGKS
                     ASGRLARTLRADDPPLDGDDGDDEGNLSKGERLRAWVRARLPACCRERDSWSAYIFPP
                     QSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVIIFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTA
                     VFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLRSSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGML
                     RVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLVVETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFK
                     GKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEASYRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMY
                     DGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYFISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEE
                     ARRREEKRLKRLEKKRRSKEKQMADLMLDDVIASGSSASAASEAQCKPYYSDYSRFRL
                     LVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALKICNYIFTVIFVLESVF
                     KLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLPINPTIIRIMRVLRIAR
                     VLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAALGVELFGDLECDETHPC
                     EGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQESTCYNTVISPIYFVSF
                     VLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMKTLSPQPHSPLGSPFLW
                     PGVEGVNSPDSPKPGAPHTTAHIGAASSGFSLEHPTMVPHTEEGPVPLGPDLLTVRKS
                     GVSRTHSLPNDSYMCRNGSTAERSLGHRGWGLPKAQSGSILSVHSQPADTSCILQLPK
                     DAHYLLQPHGAPTWGAIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQGLGSREDLLSE
                     VSGPSCPLTRSSSFWGGSSIQVQQRSGSQSKVSKHIRLPAPCPGLEPSWAKDPQETRS
                     SLELDTELSWISGDLLPSSQEEPLSPRDLKKCYSVEAQSCRRRPGSWLDEQRRHSIAV
                     SCLDSGSQPRLCPSPSSLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSISIDPPESQGPRPPCSPGVC
                     LRRRAPASDSKDPSASSPLDSTAASPSPKKDALSLSGLSSDPTDLDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:          7625
Score:                  11592.50        Matches:         2233
Percent Similarity:     96.36%         Conservative:    14
Best Local Similarity:  95.75%         Mismatches:      38
Query Match:            96.38%         Indels:          48
DB:                     10             Gaps:            4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x MMU012569 (1-7625)

Qy          1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
              |||   ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||   |||||||||   |
Db         10 ATGCGCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGTGTGAGGACACCTCCTCGGAGGGGCTCCGATC 69

Qy         20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
              |||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||   |||:::|||||||
Db         70 GCCCCTCTTCGGA-CCCCCGGGACCCCAGCTGGCCAGAGGATGGATGAGGAAGAGGATGG 128

Qy         40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
              |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||   |
Db        129 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCTGG 188

Qy         60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
              ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        189 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 248

Qy         79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        249 GGCGGAGGGGCTGCCCTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 308

Qy         99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        309 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 368

Qy        119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        369 CATGCTGGTTATTCTCCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 428

Qy        139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        429 TGCCTGTGACTCCCAACGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGACGACTTCATCTTTGCCTT 488

Qy        159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        489 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTCGCTTTGGGTATCTTTGGGAAGAAATGTTA 548

Qy        179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        549 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTTATCGTCATTGCTGGGATGCTGGAGTA 608

Qy        199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        609 CTCGCTGGACCTGCAGAATGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 668

Qy        219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        669 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGATAC 728

Qy        239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        729 CTTGCCTATGCTGGGCAATGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 788

Qy        259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        789 CGTTGGTGTTCAGCTGTGGGCAGGGCTACTTCGAAACCGATGCTTCCTCCCTGAGAATTT 848

Qy        279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        849 CAGCCTCCCGCTGAGTGTGGACTTGGAGCCTTACTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 908

Qy        299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        909 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAACGGCATGCGATCCTGCAGGAGCGTGCCCAC 968

Qy        319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||
Db        969 ACTGCGCGGGGAAGGCGGTGGTGGTCCACCCTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTATAACAG 1028

Qy        339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1029 TTCCAGCAATACCACCTGTGTCAACTGGAACCAATACTATACCAACTGCTCTGCAGGCGA 1088

Qy        359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1089 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1148

Qy        379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1149 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCA 1208

Qy        399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1209 TTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGAT 1268

Qy        419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1269 CAACCTGTGCCTGGTGGTGATCGCCACACAGTTCTCTGAGACCAAGCAACGGGAGAGTCA 1328

Qy        439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1329 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1388

Qy        459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1389 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTTCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGCAAAGC 1448

Qy        479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
              |||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||
Db       1449 AGCCCGCAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTGTAGGCGTGCGGGCTGGGTTGCTCAGCAG 1508

Qy        499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
              |||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||
Db       1509 CCCAGTGGCCCGTGGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCTCTCGTTCACACCG 1568

Qy        519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1569 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1628

Qy        539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1629 GGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1688

Qy        559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1689 TGGGTCCCGCTGGCTCATGCTGCCACCACCCTCTACCCCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 1748

Qy        579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1749 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 1808

Qy        599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
              ||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1809 TTGCCAGGCCCCCCCTCCCAGGTCCCCATCGGAGGCATCTGGCAGGACTGTGGGTAGTGG 1868

Qy        619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db       1869 GAAGGTATACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATGCTGAAGGATAAGGCACT 1928

Qy        639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db       1929 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCACCTTCAACATCCCACCTGG 1988

Qy        659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1989 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2048

Qy        679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2049 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGTGGGCCGGACAGTTG 2108

Qy        699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Db       2109 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGGGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGAAATGCCTGA 2168

Qy        719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2169 CTCAGACAGTGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGCGACCTCCGGGA 2228

Qy        739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
              |||||||   |||||||||:::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2229 TCCCCAC---AGACGGCGACGGCCGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2285

Qy        759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2286 GGCCTTCTGGAGGCTGATCTGCGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2345

Qy        779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2346 CCGGGGAATCATGATCGCTATCCTGGTCAATACCCTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2405

Qy        799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2406 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2465

Qy        819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2466 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTCGTCTACGGTCCCTTCGGCTACATTAAGAATCC 2525

Qy        839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2526 CTACAACATCTTTGATGGCGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2585

Qy        859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2586 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTAGTTCG 2645

Qy        879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2646 CTTCCTGCCGGCACTGCAGCGGCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2705

Qy        899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2706 CACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCACCT 2765

Qy        919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2766 TTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 2825

Qy        939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2826 TGACTCCCTGCTCTGGGCCATTGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 2885

Qy        959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2886 TAAAGTCCTTTACAACGGCATGGCCTCCACGTCATCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 2945

Qy        979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2946 CCTCATGACTTTTGGCAACTACGTGCTCTTTAACCTGCTTGTCGCCATTCTCGTGGAGGG 3005

Qy        999 yPheGlnAlaGlu----------------------------------------------- 1003
              |||||||||||||
Db       3006 TTTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATACGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCA 3065

Qy       1004 ----------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePh 1016
                                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3066 GCTGCCTGTCAACTCCCAGGGGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTT 3125

Qy       1016 eSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGl 1036
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3126 TTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCCTTGGG 3185

Qy       1036 yGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaTh 1056
              |||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3186 AGAACACTCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCTCTCATCATCCACACAGCTGCTAC 3245

Qy       1056 rProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySe 1076
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3246 ACCGATGTCACTGCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTC 3305

Qy       1076 rArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCy 1096
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||
Db       3306 TCGCCGCACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAACTGCCCATCATGAGATGAAATC 3365

Qy       1096 sProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSe 1116
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3366 ACCGCCAAGTGCCCGAAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGCGCAGCAAGCAGCTGGACCAG 3425
```

```
Qy        1116 rArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSe 1136
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3426 CAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTGAAGCGTAGGAGCCCAAG 3485

Qy        1136 rGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSe 1156
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3486 CGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGTCAGGAGAGCCAGGATGAGGAGGAGAG 3545

Qy        1156 rSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGl 1176
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3546 TTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGATCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGA 3605

Qy        1176 uArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisAr 1196
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3606 ACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACCCTGCAGGTGCCCGGGCTTCATCG 3665

Qy        1196 gThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSe 1216
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3666 AACAGCCAGCGGTCGGAGCTCTGCCTCTGAACACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTC 3725

Qy        1216 rGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAs 1236
               |||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||||||||||||||   ::
Db        3726 AGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGCGGGCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGATGGCGA 3785

Qy        1236 nAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPr 1256
               :||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||||||||:::||||||||
Db        3786 TGATGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGCTTACGAGCCTGGGTCCGAGCCCGGCTCCC 3845

Qy        1256 oAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPh 1276
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3846 TGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCTGCCTATATCTTCCCTCCCCAGTCAAGGTT 3905

Qy        1276 eArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIl 1296
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3906 TCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCAT 3965

Qy        1296 eIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAl 1316
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3966 CATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGC 4025

Qy        1316 aGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMe 1336
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4026 TGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTCCTGGCTGAAAT 4085

Qy        1336 tThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSe 1356
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4086 GACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAG 4145

Qy        1356 rTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMe 1376
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4146 CTGGAACGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCTGTCATCGACATCCTGGTGTCCAT 4205

Qy        1376 tValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgTh 1396
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4206 GGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATTCTCGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGAC 4265

Qy        1396 rLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLe 1416
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4266 CCTACGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCT 4325

Qy        1416 uMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIl 1436
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4326 GATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCAT 4385

Qy        1436 ePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAs 1456
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4386 TTTTGGAATTCTTGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGA 4445

Qy        1456 pThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHi 1476
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4446 CACCAGGAACATCACTAACAAGTCCGACTGTGCTGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCA 4505
```

```
Qy        1476 sLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLy 1496
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4506 CAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAA 4565

Qy        1496 sAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPr 1516
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4566 GGATGGCTGGGTTGACATCATGTATGATGGACTGGATGCTGTGGGAGTGGACCAGCAGCC 4625

Qy        1516 oIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAl 1536
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4626 CATCATGAACCACAACCCTTGGATGCTGCTCTACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGC 4685

Qy        1536 aPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGl 1556
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4686 CTTCTTCGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGGCA 4745

Qy        1556 nHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLy 1576
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||
Db        4746 GCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGACTAAAGAGGCTGGAGAA 4805

Qy        1576 sLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAla----------------------------- 1586
               |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4806 AAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCCGATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTC 4865

Qy        1587 -------------------------GluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSe 1598
                                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4866 CGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCCTACTACTCTGACTACTC 4925

Qy        1598 rArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleTh 1618
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4926 GCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCAC 4985

Qy        1618 rGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIl 1638
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4986 TGGTGTCATCGGGCTGAATGTGGTCACGATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGAT 5045

Qy        1638 eLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSe 1658
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db        5046 CCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTGGAGTC 5105

Qy        1658 rValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLe 1678
               ||||||||||||||||||||||  .|||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5106 AGTATTCAAACTTGTGGCCTTCGGCTTCCGCCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCT 5165

Qy        1678 uAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAs 1698
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5166 GGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAAGAGATTGAGGTCAA 5225

Qy        1698 nLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaAr 1718
               |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5226 TGCTTCACTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCG 5285

Qy        1718 gValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGl 1738
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db        5286 AGTTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCA 5345

Qy        1738 nAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAl 1758
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5346 GGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGCTATTATTTTTCATCTTTGC 5405

Qy        1758 aAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGl 1778
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5406 AGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGG 5465

Qy        1778 yLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVa 1798
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5466 CTTGGGCCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGT 5525

Qy        1798 lSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGl 1818
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||
Db        5526 CTCCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGA 5585

Qy        1818 uSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAl 1838
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5586 GTCCACCTGCTACAACACCGTCATCTCACCCATCTACTTCGTGTCCTTCGTGCTGACGGC 5645

Qy        1838 aGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAs 1858
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5646 CCAGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAGAGCAA 5705

Qy        1858 nLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLe 1878
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5706 CAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCGGAGTTGGAGGCGGAGCTGGAGCTAGAGATGAAGACACT 5765

Qy        1878 uSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyVa 1898
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5766 CAGCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTGGAAGGTGT 5825

Qy        1898 lAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAl 1918
               |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5826 CAATAGCCCTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACGGCCCACATTGGAGCAGC 5885

Qy        1918 a---SerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProVa 1937
               |   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||
Db        5886 CTCTTCAGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCTCACACTGAGGAGGGGCCAGT 5945

Qy        1937 lProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLe 1957
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5946 CCCCCTAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACACACTCTCT 6005

Qy        1957 uProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisAr 1977
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6006 GCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCCGAGAGATCCCTAGGACACAG 6065

Qy        1977 gGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAl 1997
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6066 GGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCTGTTCACTCCCAACCAGC 6125

Qy        1997 aAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGl 2017
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||
Db        6126 AGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGCACACTATCTGCTCCAGCCTCATGG 6185

Qy        2017 yAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGl 2037
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6186 GGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCA 6245

Qy        2037 nArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGl 2057
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6246 GAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGACGTGCAGGGCCTGGG 6305

Qy.       2057 ySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSe 2077
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6306 TAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGCTCCTC 6365

Qy        2077 rSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysVa 2097
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db        6366 ATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGCTCCGGCAGCCAGAGCAAAGT 6425

Qy        2097 lSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAs 2117
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6426 CTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGA 6485

Qy        2117 pProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAs 2137
               ||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6486 CCCTCAAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGA 6545

Qy        2137 pLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSe 2157
               |||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        6546 CCTCCTGCCCAGCAGTCAGGAAGAACCCCTGTCCCCACGGGACTTGAAAAAATGCTACAG 6605

Qy        2157 rValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHi 2177
               |||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||
Db        6606 TGTAGAGGCCCAGAGCTGCCGGCGCAGGCCTGGGTCCTGGCTAGACGAACAGAGGAGACA 6665

Qy        2177 sSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSe 2197
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6666 CTCCATCGCTGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAGCCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTC 6725

Qy        2197 rSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerPr 2217
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6726 AAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGCCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCC 6785

Qy        2217 oProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGl 2237
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db        6786 ACCCAGTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCCCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGG 6845

Qy        2237 yValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerPr 2257
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Db        6846 CGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCGAAGGATCCCTCGGCCTCCAGCCC 6905

Qy        2257 oLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLe 2277
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||
Db        6906 CCTTGACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGATGCGCTGAGTCTCTCTGGTTT 6965

Qy        2277 uSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
               |||||||||||||||||||:::||||||
Db        6966 GTCTTCTGACCCAACAGACCTGGATCCC 6993

RESULT 8
BC057399
LOCUS       BC057399                7527 bp    mRNA    linear   ROD 07-OCT-2003
DEFINITION  Mus musculus calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1G
            subunit, mRNA (cDNA clone MGC:62312 IMAGE:6410519), complete cds.
ACCESSION   BC057399
VERSION     BC057399.1  GI:34783700
KEYWORDS    MGC.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7527)
  AUTHORS   Strausberg,R.L., Feingold,E.A., Grouse,L.H., Derge,J.G.,
            Klausner,R.D., Collins,F.S., Wagner,L., Shenmen,C.M., Schuler,G.D.,
            Altschul,S.F., Zeeberg,B., Buetow,K.H., Schaefer,C.F., Bhat,N.K.,
            Hopkins,R.F., Jordan,H., Moore,T., Max,S.I., Wang,J., Hsieh,F.,
            Diatchenko,L., Marusina,K., Farmer,A.A., Rubin,G.M., Hong,L.,
            Stapleton,M., Soares,M.B., Bonaldo,M.F., Casavant,T.L.,
            Scheetz,T.E., Brownstein,M.J., Usdin,T.B., Toshiyuki,S.,
            Carninci,P., Prange,C., Raha,S.S., Loquellano,N.A., Peters,G.J.,
            Abramson,R.D., Mullahy,S.J., Bosak,S.A., McEwan,P.J.,
            McKernan,K.J., Malek,J.A., Gunaratne,P.H., Richards,S.,
            Worley,K.C., Hale,S., Garcia,A.M., Gay,L.J., Hulyk,S.W.,
            Villalon,D.K., Muzny,D.M., Sodergren,E.J., Lu,X., Gibbs,R.A.,
            Fahey,J., Helton,E., Ketteman,M., Madan,A., Rodrigues,S.,
            Sanchez,A., Whiting,M., Madan,A., Young,A.C., Shevchenko,Y.,
            Bouffard,G.G., Blakesley,R.W., Touchman,J.W., Green,E.D.,
            Dickson,M.C., Rodriguez,A.C., Grimwood,J., Schmutz,J., Myers,R.M.,
            Butterfield,Y.S., Krzywinski,M.I., Skalska,U., Smailus,D.E.,
            Schnerch,A., Schein,J.E., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  TITLE     Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
            human and mouse cDNA sequences
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
  MEDLINE   22388257
   PUBMED   12477932
REFERENCE   2  (bases 1 to 7527)
  AUTHORS   Strausberg,R.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (03-SEP-2003) National Institutes of Health, Mammalian
            Gene Collection (MGC), Cancer Genomics Office, National Cancer
            Institute, 31 Center Drive, Room 11A03, Bethesda, MD 20892-2590,
            USA
  REMARK    NIH-MGC Project URL: http://mgc.nci.nih.gov
COMMENT     Contact: MGC help desk
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
            cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, University of Iowa
            cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
            DNA Sequencing by: Sequencing Group at the Stanford Human Genome
            Center, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA  94305
            Web site:       http://www-shgc.stanford.edu
            Contact:  (Dickson, Mark) mcd@paxil.stanford.edu
            Dickson, M., Schmutz, J., Grimwood, J., Rodriquez, A., and Myers,
            R. M.

            Clone distribution: MGC clone distribution information can be found
            through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: http://image.llnl.gov
            Series: IRAK Plate: 114 Row: p Column: 1
            This clone was selected for full length sequencing because it
            passed the following selection criteria: Hexamer frequency ORF
            analysis.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7527
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="MGC:62312 IMAGE:6410519"
                     /tissue_type="Brain, enriched mouse brain 12.5dp"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FO0"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Vector: pYX-ASC"
     gene            1. .7527
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="synonyms: a1G, [a]1G, alpha-1G, Cav3.1d"
                     /db_xref="LocusID:12291"
                     /db_xref="MGI:1201678"
     CDS             421. .7167
                     /gene="Cacna1g"
                     /codon_start=1
                     /product="Cacna1g protein"
                     /protein_id="AAH57399.1"
                     /db_xref="GI:34783701"
                     /db_xref="LocusID:12291"
                     /db_xref="MGI:1201678"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFTQLNDLSGAGGRQGPGSTEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERVSMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLEPYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGEGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIFSETKQRESQLM
                     REQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARRLAQVSRAVGVRAGLLSS
                     PVVRGGQEPQPSGSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLGNGTLRVPRASPEIQDRD
                     ANGSRWLMLPPPSTPTPSGGPPRGAESVHSFYHADCHLEPVRCQAPPPRSPSEASGRT
                     VGSGKVYPTVHTSPPPEMLKDKALVEVAPSPGPPTLTSFNIPPGPFSSMHKLLETQST
                     GACHSSCKISSPCSKADSGACGPDSCPYCARTGAGEPESADHEMPDSDSEAVYEFTQD
                     AQHSDLRDPHRRRRPSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIVDSKYFGRGIMIAILVNT
                     LSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYGPFGYIKNPYNIFDGVIV
                     VISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLVVLMKTMDNVATFCMLLM
                     LFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIVTVFQILTQEDWNKVLYN
                     GMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEGDATKSESEPDFFSPSVDG
                     DGDRKKRLALVALGEHSELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKSSSTGVGEALGSGSRRTS
                     SSGSAEPGTAHHEMKSPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRNSLGRAPSLKRRSPSGE
                     RRSLLSGEGQESQDEEESSEEDRASPAGSDHRHRGSLEREAKSSFDLPDTLQVPGLHR
                     TASGRSSASEHQDCNGKSASGRLARTLRADDPPLDGDDGDDEGNLSKGERLRAWVRAR
                     LPACCRERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVIIFLNCITIAMERPKID
                     PHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLRSSWNVLDGLLVLISVI
                     DILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLVVETLMSSLKPIGNIVV
                     ICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEASYRWVRHKYNFDNLGQA
                     LMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYFISFLLIVAFFVLNMFV
                     GVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLKRLEKKRRNLMLDDVIASGSSASAASEAQCK
                     PYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALKICNYI
                     FTVIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLPINPTI
                     IRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAALGVELF
                     GDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQESTCYN
                     TVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMKTLSPQ
                     PHSPLGSPFLWPGVEGVNSPDSPKPGAPHTTAHIGAASSGFSLEHPTMVPHTEEGPVP
                     LGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRNGSTAERSLGHRGWGLPKAQSGSILSVHSQP
                     ADTSCILQLPKDAHYLLQPHGAPTWGAIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQ
                     GLGSREDLLSEVSGPSCPLTRSSSFWGGSSIQVQQRSGSQSKVSKHIRLPAPCPGLEP
                     SWAKDPQETRSSLELDTELSWISGDLLPSSQEEPLSPRDLKKCYSVEAQSCRRRPGSW
                     LDEQRRHSIAVSCLDSGSQPRLCPSPSSLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSISIDPPESQ
```

```
                     GPRPPCSPGVCLRRRAPASDSKDPSASSPLDSTAASPSPKKDALSLSGLSSDPTDLDP
                     "
     misc_feature    808. .1161
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="ion_trans; Region: Ion transport protein. This
                     family contains Sodium, Potassium, Calcium ion channels.
                     This family is 6 transmembrane helices in which the last
                     two helices flank a loop which determines ion selectivity.
                     In some sub-families (e.g. Na channels) the domain is
                     repeated four times, whereas in others (e.g. K channels)
                     the protein forms as a tetramer in the membrane. A
                     bacterial structure of the protein is known for the last
                     two helices but is not the Pfam family due to it lacking
                     the first four helices"
                     /db_xref="CDD:pfam00520"
     misc_feature    1360. .1512
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="ion_trans; Region: Ion transport protein. This
                     family contains Sodium, Potassium, Calcium ion channels.
                     This family is 6 transmembrane helices in which the last
                     two helices flank a loop which determines ion selectivity.
                     In some sub-families (e.g. Na channels) the domain is
                     repeated four times, whereas in others (e.g. K channels)
                     the protein forms as a tetramer in the membrane. A
                     bacterial structure of the protein is known for the last
                     two helices but is not the Pfam family due to it lacking
                     the first four helices"
                     /db_xref="CDD:pfam00520"
     misc_feature    2689. .3258
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="ion_trans; Region: Ion transport protein. This
                     family contains Sodium, Potassium, Calcium ion channels.
                     This family is 6 transmembrane helices in which the last
                     two helices flank a loop which determines ion selectivity.
                     In some sub-families (e.g. Na channels) the domain is
                     repeated four times, whereas in others (e.g. K channels)
                     the protein forms as a tetramer in the membrane. A
                     bacterial structure of the protein is known for the last
                     two helices but is not the Pfam family due to it lacking
                     the first four helices"
                     /db_xref="CDD:pfam00520"
     misc_feature    4228. .4911
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="ion_trans; Region: Ion transport protein. This
                     family contains Sodium, Potassium, Calcium ion channels.
                     This family is 6 transmembrane helices in which the last
                     two helices flank a loop which determines ion selectivity.
                     In some sub-families (e.g. Na channels) the domain is
                     repeated four times, whereas in others (e.g. K channels)
                     the protein forms as a tetramer in the membrane. A
                     bacterial structure of the protein is known for the last
                     two helices but is not the Pfam family due to it lacking
                     the first four helices"
                     /db_xref="CDD:pfam00520"
     misc_feature    5227. .5853
                     /gene="Cacna1g"
                     /note="ion_trans; Region: Ion transport protein. This
                     family contains Sodium, Potassium, Calcium ion channels.
                     This family is 6 transmembrane helices in which the last
                     two helices flank a loop which determines ion selectivity.
                     In some sub-families (e.g. Na channels) the domain is
                     repeated four times, whereas in others (e.g. K channels)
                     the protein forms as a tetramer in the membrane. A
                     bacterial structure of the protein is known for the last
                     two helices but is not the Pfam family due to it lacking
                     the first four helices"
                     /db_xref="CDD:pfam00520"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         7527
Score:                  11489.00        Matches:        2211
Percent Similarity:     96.66%          Conservative:   14
```

```
Best Local Similarity:  96.05%      Mismatches:   43
Query Match:            95.52%      Indels:       35
DB:                     10          Gaps:         4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BC057399 (1-7527)

Qy        1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
            ||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||   |||||||||   |
Db      322 ATGCTCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGTGTGAGGACACCTCCTCGGAGGGGCTCCGATC 381

Qy       20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
            |||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||   |||:::|||||||
Db      382 GCCCCTCTTCGGA-CCCCCGGGACCCCAGCTGGCCAGAGGATGGATGAGGAAGAGGATGG 440

Qy       40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
            |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||   |
Db      441 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCTGG 500

Qy       60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
            ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      501 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 560

Qy       79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      561 GGCGGAGGGGCTGCCCTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 620

Qy       99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      621 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 680

Qy      119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      681 CATGCTGGTTATTCTCCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 740

Qy      139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      741 TGCCTGTGACTCCCAACGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGACGACTTCATCTTTGCCTT 800

Qy      159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      801 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTCGCTTTGGGTATCTTTGGGAAGAAATGTTA 860

Qy      179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      861 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTTATCGTCATTGCTGGGATGCTGGAGTA 920

Qy      199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      921 CTCGCTGGACCTGCAGAATGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 980

Qy      219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      981 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGATAC 1040

Qy      239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1041 CTTGCCTATGCTGGGCAATGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 1100

Qy      259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1101 CGTTGGTGTTCAGCTGTGGGCAGGGCTACTTCGAAACCGATGCTTCCTCCCTGAGAATTT 1160

Qy      279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1161 CAGCCTCCCGCTGAGTGTGGACTTGGAGCCTTACTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 1220

Qy      299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1221 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAACGGCATGCGATCCTGCAGGAGCGTGCCCAC 1280

Qy      319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||
Db     1281 ACTGCGCGGGGAAGGCGGTGGTGGTCCACCCTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTATAACAG 1340

Qy      339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1341 TTCCAGCAATACCACCTGTGTCAACTGGAACCAATACTATACCAACTGCTCTGCAGGCGA 1400

Qy      359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1401 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1460

Qy      379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1461 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCA 1520

Qy      399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1521 TTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATC-------------------- 1560

Qy      419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
                                           |||||||||||||||||||||||||||||
Db     1561 -------------------------------TTCTCTGAGACCAAGCAACGGAGAGTCA 1589

Qy      439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1590 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1649

Qy      459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1650 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTTCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGCAAAGC 1709

Qy      479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
            |||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||
Db     1710 AGCCCGCAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTGTAGGCGTGCGGGCTGGGTTGCTCAGCAG 1769

Qy      499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
            |||||||   |||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||
Db     1770 CCCAGTGGTCCGTGGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCTCTCGTTCACACCG 1829

Qy      519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1830 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1889

Qy      539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1890 GGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1949

Qy      559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
            ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1950 TGGGTCCCGCTGGCTCATGCTGCCACCACCCTCTACCCCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 2009

Qy      579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2010 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 2069

Qy      599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
            ||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2070 TTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCGGAGGCATCTGGCAGGACTGTGGGTAGTGG 2129

Qy      619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db     2130 GAAGGTATACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATGCTGAAGGATAAGGCACT 2189

Qy      639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2190 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGG 2249

Qy      659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2250 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2309

Qy      679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2310 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGTGGGCCGGACAGTTG 2369
```

```
Qy        699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Db       2370 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGGGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGAAATGCCTGA 2429

Qy        719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2430 CTCAGACAGTGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGCGACCTCCGGGA 2489

Qy        739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
              |||||||   |||||||||:::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2490 TCCCCAC---AGACGGCGACGGCCGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2546

Qy        759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2547 GGCCTTCTGGAGGCTGATCTGCGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2606

Qy        779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2607 CCGGGGAATCATGATCGCTATCCTGGTCAATACCCTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2666

Qy        799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2667 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2726

Qy        819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2727 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTCGTCTACGGTCCCTTCGGCTACATTAAGAATCC 2786

Qy        839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2787 CTACAACATCTTTGATGGCGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2846

Qy        859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2847 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTAGTTCG 2906

Qy        879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2907 CTTCCTGCCGGCACTGCAGCGGCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2966

Qy        899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2967 CACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCACCT 3026

Qy        919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3027 TTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 3086

Qy        939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3087 TGACTCCCTGCTCTGGGCCATTGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 3146

Qy        959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3147 TAAAGTCCTTTACAACGGCATGGCCTCCACGTCATCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 3206

Qy        979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3207 CCTCATGACTTTTGGCAACTACGTGCTCTTTAACCTGCTTGTCGCCATTCTCGTGGAGGG 3266

Qy        999 yPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSe 1019
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3267 TTTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAG 3326

Qy       1019 rValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAl 1039
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||::
Db       3327 TGTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCCTTGGGAGAACACTC 3386

Qy       1039 aGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSe 1059
              :|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3387 GGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCTCTCATCATCCACACAGCTGCTACACCGATGTC 3446

Qy       1059 rHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgTh 1079
              |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3447 ACTGCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGCCGCAC 3506

Qy       1079 rSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSe 1099
              ||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||||
Db       3507 CAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAACTGCTCATCATGAGATGAAATCACCGCCAAG 3566

Qy       1099 rAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSe 1119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3567 TGCCCGAAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGCGCAGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTC 3626

Qy       1119 rSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluAr 1139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3627 CAGCCGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTGAAGCGTAGGAGCCCAAGCGGGGAGCG 3686

Qy       1139 gArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGl 1159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3687 GAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGTCAGGAGAGCCAGGATGAGGAGGAGAGTTCAGAAGA 3746

Qy       1159 uAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAl 1179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3747 GGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGATCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGC 3806

Qy       1179 aLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSe 1199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3807 CAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACCCTGCAGGTGCCCGGGCTTCATCGAACAGCCAG 3866

Qy       1199 rGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLe 1219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3867 CGGTCGGAGCTCTGCCTCTGAACACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTT 3926

Qy       1219 uAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGl 1239
              ||||||||||||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||
Db       3927 GGCCCGCACCCTGCGGGCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGATGGCGATGATGAGGG 3986

Qy       1239 yAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCy 1259
              ||||||||||||||||||||||::::::||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db       3987 CAACCTGAGCAAAGGGGAACGCTTACGAGCCTGGGTCCGAGCCCGGCTCCCTGCCTGTTG 4046

Qy       1259 sArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLe 1279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4047 CCGAGAGCGAGATTCCTGGTCTGCCTATATCTTCCCTCCCCAGTCAAGGTTTCGTCTCCT 4106

Qy       1279 uCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLe 1299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4107 GTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCT 4166

Qy       1299 uAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIl 1319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4167 CAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCAT 4226

Qy       1319 ePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLy 1339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4227 CTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTCCTGGCTGAAATGACAGTGAA 4286

Qy       1339 sValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnVa 1359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4287 GGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAACGT 4346

Qy       1359 lLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAs 1379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4347 GCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCTGTCATCGACATCCTGGTGTCCATGGTCTCTGA 4406

Qy       1379 pSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgPr 1399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4407 CAGCGGCACCAAGATTCTCGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTACGTCC 4466

Qy       1399 oLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSe 1419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4467 ACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATC 4526

Qy       1419 rLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIl 1439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4527 CCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAAT 4586

Qy        1439 eLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAs 1459
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4587 TCTTGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAA 4646

Qy        1459 nIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAs 1479
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4647 CATCACTAACAAGTCCGACTGTGCTGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAA 4706

Qy        1479 nPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTr 1499
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4707 CTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGCTG 4766

Qy        1499 pValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAs 1519
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4767 GGTTGACATCATGTATGATGGACTGGATGCTGTGGGAGTGGACCAGCAGCCCATCATGAA 4826

Qy        1519 nHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheVa 1539
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4827 CCACAACCCTTGGATGCTGCTCTACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTCGT 4886

Qy        1539 lLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGl 1559
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4887 CCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGGCAGCACCAGGA 4946

Qy        1559 uGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgAr 1579
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||
Db        4947 GGAGGAGGAGGCGCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGACTAAAGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAG 5006

Qy        1579 g---------------------------------SerLysGluLysGlnMetAlaGluAl 1588
               |                                 |||               :::|||||
Db        5007 GAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGC 5066

Qy        1588 aGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCy 1608
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5067 CCAGTGCAAACCCTACTACTCTGACTACTCGCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACCTGTG 5126

Qy        1608 sThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMe 1628
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5127 TACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAATGTGGTCACGAT 5186

Qy        1628 tAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTy 1648
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5187 GGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTA 5246

Qy        1648 rIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheAr 1668
               ||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db        5247 CATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTATTCAAACTTGTGGCCTTCGGCTTCCG 5306

Qy        1668 gArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMe 1688
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5307 CCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCAT 5366

Qy        1688 tGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIl 1708
               |||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        5367 GGGCATCACGCTGGAAGAGATTGAGGTCAATGCTTCACTGCCCATCAACCCCACCATCAT 5426

Qy        1708 eArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGl 1728
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5427 CCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGG 5486

Qy        1728 yMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLe 1748
               ||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5487 CATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACT 5546

Qy        1748 uLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLe 1768
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5547 TCTCTTCATGCTATTATTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCT 5606

Qy        1768 uGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPh 1788
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5607 GGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGCCGGCATGCCACCTTTAGGAACTT 5666

Qy        1788 eGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMe 1808
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5667 TGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTAT 5726

Qy        1808 tLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerPr 1828
               |||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5727 GAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACCGTCATCTCACC 5786

Qy        1828 oIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAl 1848
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5787 CATCTACTTCGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGC 5846

Qy        1848 aValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGl 1868
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5847 CGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAGAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCGGAGTTGGA 5906

Qy        1868 uAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySe 1888
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5907 GGCGGAGCTGGAGCTAGAGATGAAGACACTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAG 5966

Qy        1888 rProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAl 1908
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db        5967 CCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTGGAAGGTGTCAATAGCCCTGACAGCCCTAAGCCTGGGGC 6026

Qy        1908 aProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAla---SerGlyPheSerLeuGluHisProTh 1927
               |||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db        6027 TCCACACACCACGGCCCACATTGGAGCAGCCTCTTCAGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCAC 6086

Qy        1927 rMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValAr 1947
               |||||||||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6087 GATGGTACCTCACACTGAGGAGGGGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAG 6146

Qy        1947 gLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGl 1967
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6147 GAAGTCTGGTGTCAGCCGGACACACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGG 6206

Qy        1967 ySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGl 1987
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6207 GAGCACTGCCGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGG 6266

Qy        1987 ySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLy 2007
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6267 CTCCATCTTGTCTGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAA 6326

Qy        2007 sAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLe 2027
               ||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6327 AGATGCACACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACT 6386

Qy        2027 uProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleAr 2047
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6387 ACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAG 6446

Qy        2047 gThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSe 2067
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6447 GACTGACTCCCTGGACGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAG 6506

Qy        2067 rGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnVa 2087
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6507 TGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGCTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGT 6566

Qy        2087 lGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCy 2107
               ||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6567 GCAGCAGCGCTCCGGCAGCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTG 6626

Qy        2107 sProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLe 2127
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||
Db        6627 CCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCAAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCT 6686

Qy        2127 uAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLe 2147
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6687 GGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCAGCAGTCAGGAAGAACCCCT 6746
```

```
Qy       2147 uPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgPr 2167
              |   |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||
Db       6747 GTCCCCACGGGACTTGAAAAAATGCTACAGTGTAGAGGCCCAGAGCTGCCGGCGCAGGCC 6806

Qy       2167 oGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGl 2187
              ||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6807 TGGGTCCTGGCTAGACGAACAGAGGAGACACTCCATCGCTGTCAGCTGCCTGGACAGCGG 6866

Qy       2187 ySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyPr 2207
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6867 CTCCCAGCCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGCCC 6926

Qy       2207 oGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSe 2227
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6927 TGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAG 6986

Qy       2227 rGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSe 2247
              |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6987 CCAGGGCCCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGCGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAG 7046

Qy       2247 rAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerPr 2267
              |||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7047 TGACTCGAAGGATCCCTCGGCCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCC 7106

Qy       2267 oLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       7107 AAAGAAAGATGCGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACCTGGATCCC 7164

RESULT 9
AF126966
LOCUS       AF126966                7274 bp    mRNA    linear   PRI 29-FEB-2000
DEFINITION  Homo sapiens voltage-dependent calcium channel alpha 1G subunit a
            isoform (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF126966
VERSION     AF126966.1  GI:4761540
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7274)
  AUTHORS   Monteil,A., Chemin,J., Bourinet,E., Mennessier,G., Lory,P. and
            Nargeot,J.
  TITLE     Molecular and functional properties of the human alpha(1G) subunit
            that forms T-type calcium channels
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 275 (9), 6090-6100 (2000)
  MEDLINE   20158909
   PUBMED   10692398
REFERENCE   2  (bases 1 to 7274)
  AUTHORS   Monteil,A., Menessier,G., Bourinet,E., Lory,P. and Nargeot,J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (09-FEB-1999) Human Genetics Institute (I.G.H.) U.P.R.
            1142, C.N.R.S., 141 rue de la Cardonille, Montpellier 34396, France
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..7274
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            1..7274
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             176..6928
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="CACNA1G-a; T-type"
                     /codon_start=1
                     /product="voltage-dependent calcium channel alpha 1G
                     subunit a isoform"
                     /protein_id="AAD29401.1"
                     /db_xref="GI:4761541"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFMRLNDLSGAGGRPGPGSAEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERISMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLERYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGDGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAAGVRVGLLSSPAPLGGQETQPSSSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRAPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPALSGAPPGGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPETLKEKALVEVAASSGPPTLTSLNI
                     PPGPYSSMHKLLETQSTGACQSSCKISSPCLKADSGACGPDSCPYCARAGAGEVELAD
                     REMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEGD
                     ANKSESEPDFFSPSLDGDGDRKKCLALVSLGEHPELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKS
                     TSTGLGEALGPASRRTSSSGSAEPGAAHEMKSPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRN
                     SLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEERASPAGSDHRHRGSLEREAK
                     SSFDLPDTLQVPGLHRTASGRGSASEHQDCNGKSASGRLARALRPDDPPLDGDDADDE
                     GNLSKGERVRAWIRARLPACCLERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVI
                     IFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLR
                     SSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLV
                     VETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEAS
                     YRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYF
                     ISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRSKEKQMA
                     EAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALK
                     ICNYIFTVIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLP
                     INPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAAL
                     GVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQE
                     STCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMK
                     TLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGPDSPDSPKPGALHPAAHARSASHFSLEHPTMQPHPTE
                     LPGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRHGSTAEGPLGHRGWGLPKAQSGSVLSVHSQ
                     PADTSYILQLPKDAPHLLQPHSAPTWGTIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDV
                     QGLGSREDLLAEVSGPSPPLARAYSFWGQSSTQAQQHSRSHSKISKHMTPPAPCPGPE
                     PNWGKGPPETRSSLELDTELSWISGDLLPPGGQEEPPSPRDLKKCYSVEAQSCQRRPT
                     SWLDEQRRHSIAVSCLDSGSQPHLGTDPSNLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSITIDPPE
                     SQGPRTPPSPGICLRRRAPSSDSKDPLASGPPDSMAASPSPKKDVLSLSGLSSDPADL
                     DP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:             0               Length:         7274
Score:                 11088.00         Matches:        2134
Percent Similarity:    94.75%          Conservative:   33
Best Local Similarity: 93.31%          Mismatches:     112
Query Match:           92.18%          Indels:         8
DB:                    9               Gaps:           4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF126966 (1-7274)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db         84 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 143

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                 |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        144 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 203

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        204 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 263

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        264 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 323

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        324 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 383

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        384 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 443

Qy        122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    444 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 503

Qy    142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    504 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 563

Qy    162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    564 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 623

Qy    182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    624 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 683

Qy    202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    684 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 743

Qy    222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    744 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 803

Qy    242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    804 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 863

Qy    262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    864 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 923

Qy    282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
          ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    924 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 983

Qy    302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    984 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1043

Qy    322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
          ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db   1044 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1103

Qy    342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1104 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1163

Qy    362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1164 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1223

Qy    382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1224 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1283

Qy    402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1284 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1343

Qy    422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1344 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1403

Qy    442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1404 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1463

Qy    462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1464 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1523

Qy    482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
          |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db   1524 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1583

Qy    502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                  |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db   1584 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1643

Qy    522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1644 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 1703

Qy    542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
          |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1704 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 1763

Qy    562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db   1764 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCG 1823

Qy    582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1824 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 1883

Qy    602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
          ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1884 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 1943

Qy    622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db   1944 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2003

Qy    642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
          |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db   2004 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2063

Qy    662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db   2064 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2123

Qy    682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
          ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2124 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2183

Qy    702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
          ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db   2184 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2243

Qy    722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
          ||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2244 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2303

Qy    742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
          ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2304 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2360

Qy    762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2361 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2420

Qy    782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2421 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2480

Qy    802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2481 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2540

Qy    822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2541 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2600

Qy    842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2601 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2660
```

```
Qy        862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2661 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2720

Qy        882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2721 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 2780

Qy        902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2781 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 2840

Qy        922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2841 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 2900

Qy        942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2901 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 2960

Qy        962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2961 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3020

Qy        982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3021 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3080

Qy       1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPheSerProSerValAspG 1022
              ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3081 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3140

Qy       1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
              ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db       3141 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3200

Qy       1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db       3201 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3260

Qy       1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
              |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db       3261 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3320

Qy       1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
              ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       3321 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3377

Qy       1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3378 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3437

Qy       1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3438 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3497

Qy       1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3498 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3557

Qy       1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3558 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3617

Qy       1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       3618 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3677

Qy       1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       3678 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3737

Qy       1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuS 1242
                ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||||||||||
Db       3738 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGA 3797

Qy       1242 erLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluA 1262
              ||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||
Db       3798 GCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGC 3857

Qy       1262 rgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisA 1282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3858 GAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACC 3917

Qy       1282 rgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysI 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3918 GGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCA 3977

Qy       1302 leThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuT 1322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3978 TCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGA 4037

Qy       1322 hrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValA 1342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4038 CCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGG 4097

Qy       1342 laLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspG 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4098 CACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACG 4157

Qy       1362 lyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyT 1382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4158 GGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCA 4217

Qy       1382 hrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgV 1402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4218 CCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGG 4277

Qy       1402 alIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysP 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4278 TGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAAC 4337

Qy       1422 roIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyV 1442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4338 CCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGG 4397

Qy       1442 alGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrA 1462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4398 TGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCA 4457

Qy       1462 snLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspA 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4458 ATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACA 4517

Qy       1482 snLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspI 1502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4518 ACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACA 4577

Qy       1502 leMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnP 1522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4578 TCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACC 4637

Qy       1522 roTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnM 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4638 CCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACA 4697

Qy       1542 etPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluG 1562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4698 TGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGG 4757

Qy       1562 luAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysG 1582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4758 AGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGG 4817

Qy       1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4818 AGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGC 4877

Qy        1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4878 TCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCG 4937

Qy        1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4938 GGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGG 4997

Qy        1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        4998 CTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAAC 5057

Qy        1662 euValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaI 1682
               |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5058 TTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCA 5117

Qy        1682 leValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuP 1702
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        5118 TTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGC 5177

Qy        1702 roIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysL 1722
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5178 CCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGC 5237

Qy        1722 euLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProG 1742
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db        5238 TGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCC 5297

Qy        1742 lnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyV 1762
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5298 AGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCG 5357

Qy        1762 alGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgH 1782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5358 TGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTC 5417

Qy        1782 isAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyA 1802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5418 ATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTG 5477

Qy        1802 spAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysT 1822
               ||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db        5478 ACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCT 5537

Qy        1822 yrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValL 1842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5538 ACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGC 5597

Qy        1842 euValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaL 1862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5598 TAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCA 5657

Qy        1862 ysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnP 1882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5658 AGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGC 5717

Qy        1882 roHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrA 1902
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |
Db        5718 CCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCG 5777

Qy        1902 spSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheS 1922
               ||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||||   ||||
Db        5778 ACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTT 5837

Qy        1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
               ||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||         |||||||
Db        5838 CCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAG 5888

Qy        1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5889 ACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCT 5948
```

```
Qy        1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
               |||||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db        5949 ACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCC 6008

Qy        1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
               ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db        6009 CCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACA 6068

Qy        2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
               ||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||
Db        6069 TCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGG 6128

Qy        2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
               ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6129 GCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGC 6188

Qy        2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6189 GCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACC 6248

Qy        2062 euLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyG 2082
               |||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||
Db        6249 TGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCC 6308

Qy        2082 lySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleA 2102
                 ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::
Db        6309 AGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGA 6368

Qy        2102 rgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrA 2122
                    ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||
Db        6369 CCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCA 6428

Qy        2122 rgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProS 2141
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db        6429 GAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTG 6488

Qy        2141 erSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrG 2161
                    ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db        6489 GCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCC 6548

Qy        2161 lnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaV 2181
               ||||||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6549 AGAGCTGCCAGCGCCGGCCCACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCG 6608

Qy        2181 alSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyG 2201
               |||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||
Db        6609 TCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGG 6668

Qy        2201 lyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleS 2221
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db        6669 GCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCA 6728

Qy        2221 erIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuA 2241
               ::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||
Db        6729 CCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCC 6788

Qy        2241 rgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerT 2261
               ||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||
Db        6789 GGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCTGACAGCA 6848

Qy        2261 hrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspP 2281
                 |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        6849 TGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACC 6908

Qy        2281 roThrAspMetAspPro 2286
               ||   |||:::||||||
Db        6909 CAGCAGACCTGGACCCC 6925

RESULT 10
AF190860
LOCUS       AF190860                7349 bp    mRNA    linear   PRI 23-FEB-2000
DEFINITION  Homo sapiens low voltage-activated T-type calcium channel alpha 1G
```

```
            splice variant CavT.1a (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF190860
VERSION     AF190860.1  GI:7021332
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7349)
  AUTHORS   Cribbs,L.L., Gomora,J.C., Daud,A.N., Lee,J.H. and Perez-Reyes,E.
  TITLE     Molecular cloning and functional expression of Ca(v)3.1c, a T-type
            calcium channel from human brain
  JOURNAL   FEBS Lett. 466 (1), 54-58 (2000)
  MEDLINE   20115462
   PUBMED   10648811
REFERENCE   2  (bases 1 to 7349)
  AUTHORS   Cribbs,L.L., Gomora,J.C., Lee,J.-H., Daud,A.N. and Perez-Reyes,E.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (29-SEP-1999) Physiology, Loyola University Medical
            Center, 2160 South First Avenue, Maywood, IL 60153, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .7349
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="17"
                     /map="between AFMA126YD5 and D17S798"
                     /tissue_type="brain"
     gene            1. .7349
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             217. .6969
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="genomic sequence presented in GenBank Accession
                     Number AC004590; similar to seqeunces presented in GenBank
                     Accession Numbers H06096, H19230; similar to rat brain
                     alpha 1G encoded by GenBank Accession Number AF027984"
                     /codon_start=1
                     /product="low voltage-activated T-type calcium channel
                     alpha 1G splice variant CavT.1a"
                     /protein_id="AAF35287.1"
                     /db_xref="GI:7021333"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFMRLNDLSGAGGRPGPGSAEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERISMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLERYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGDGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAAGVRVGLLSSPAPLGGQETQPSSSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRAPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPALSGAPPGGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPETLKEKALVEVAASSGPPTLTSLNI
                     PPGPYSSMHKLLETQSTGACQSSCKISSPCLKADSGACGPDSCPYCARAGAGEVELAD
                     REMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEGD
                     ANKSESEPDFFSPSLDGDGDRKKCLALVSLGEHPELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKS
                     TSTGLGEALGPASRRTSSSGSAEPGAAHEMKSPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRN
                     SLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEERASPAGSDHRHRGSLEREAK
                     SSFDLPDTLQVPGLHRTASGRGSASEHQDCNGKSASGRLARALRPDDPPLDGDDADDE
                     GNLSKGERVRAWIRARLPACCLERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVI
                     IFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLR
                     SSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLV
                     VETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEAS
                     YRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYF
                     ISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRSKEKQMA
                     EAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALK
                     ICNYIFTVIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLP
                     INPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAAL
                     GVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQE
                     STCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMK
```

```
                     TLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGPDSPDSPKPGALHPAAHARSASHFSLEHPTMQPHPTE
                     LPGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRHGSTAEGPLGHRGWGLPKAQSGSVLSVHSQ
                     PADTSYILQLPKDAPHLLQPHSAPTWGTIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDV
                     QGLGSREDLLAEVSGPSPPLARAYSFWGQSSTQAQQHSRSHSKISKHMTPPAPCPGPE
                     PNWGKGPPETRSSLELDTELSWISGDLLPPGGQEEPPSPRDLKKCYSVEAQSCQRRPT
                     SWLDEQRRHSIAVSCLDSGSQPHLGTDPSNLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSITIDPPE
                     SQGPRTPPSPGICLRRRAPSSDSKDPLASGPPDSMAASPSPKKDVLSLSGLSSDPADL
                     DP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         7349
Score:                  11088.00         Matches:        2134
Percent Similarity:     94.75%          Conservative:   33
Best Local Similarity:  93.31%          Mismatches:     112
Query Match:            92.18%          Indels:         8
DB:                     9               Gaps:           4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF190860 (1-7349)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db        125 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 184

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                 |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        185 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 244

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        245 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 304

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        305 GCCGGCCGGGGCCGGGTCAGCAGAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 364

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        365 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 424

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        425 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCATGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 484

Qy        122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        485 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 544

Qy        142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        545 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 604

Qy        162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        605 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 664

Qy        182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        665 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 724

Qy        202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        725 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 784

Qy        222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        785 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 844

Qy        242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        845 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 904

Qy        262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          905 TCCAGCTGTGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 964

Qy          282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
                ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          965 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1024

Qy          302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1025 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1084

Qy          322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
                ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1085 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1144

Qy          342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1145 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1204

Qy          362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1205 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1264

Qy          382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1265 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1324

Qy          402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1325 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1384

Qy          422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1385 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1444

Qy          442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1445 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1504

Qy          462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1505 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1564

Qy          482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
                |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db         1565 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1624

Qy          502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                        |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db         1625 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1684

Qy          522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1685 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 1744

Qy          542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
                |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1745 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 1804

Qy          562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db         1805 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCG 1864

Qy          582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1865 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 1924

Qy          602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
                ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1925 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 1984

Qy          622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db         1985 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2044

Qy          642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
                |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db         2045 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2104

Qy          662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db         2105 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2164

Qy          682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
                ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2165 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2224

Qy          702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
                ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db         2225 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2284

Qy          722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2285 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2344

Qy          742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
                ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2345 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2401

Qy          762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2402 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2461

Qy          782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2462 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2521

Qy          802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2522 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2581

Qy          822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2582 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2641

Qy          842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2642 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2701

Qy          862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2702 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2761

Qy          882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2762 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 2821

Qy          902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2822 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 2881

Qy          922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2882 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 2941

Qy          942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2942 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3001

Qy          962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3002 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3061

Qy          982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3062 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3121
```

```
Qy      1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
             ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db      3122 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3181

Qy      1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
             ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db      3182 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3241

Qy      1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db      3242 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3301

Qy      1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
             |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db      3302 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3361

Qy      1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
             ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      3362 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3418

Qy      1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3419 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3478

Qy      1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3479 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3538

Qy      1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db      3539 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3598

Qy      1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3599 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3658

Qy      1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db      3659 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3718

Qy      1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db      3719 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3778

Qy      1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuS 1242
               ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||||||||||
Db      3779 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGA 3838

Qy      1242 erLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluA 1262
             ||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||
Db      3839 GCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGC 3898

Qy      1262 rgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisA 1282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3899 GAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACC 3958

Qy      1282 rgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysI 1302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3959 GGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCA 4018

Qy      1302 leThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuT 1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4019 TCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGA 4078

Qy      1322 hrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValA 1342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4079 CCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGG 4138

Qy      1342 laLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspG 1362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4139 CACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACG 4198

Qy      1362 lyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyT 1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4199 GGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCA 4258

Qy      1382 hrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgV 1402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4259 CCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGG 4318

Qy      1402 alIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysP 1422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4319 TGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAAC 4378

Qy      1422 roIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyV 1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4379 CCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGG 4438

Qy      1442 alGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrA 1462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4439 TGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCA 4498

Qy      1462 snLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspA 1482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4499 ATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACA 4558

Qy      1482 snLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspI 1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4559 ACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACA 4618

Qy      1502 leMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnP 1522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4619 TCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACC 4678

Qy      1522 roTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnM 1542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4679 CCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACA 4738

Qy      1542 etPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluG 1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4739 TGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGG 4798

Qy      1562 luAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysG 1582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4799 AGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGG 4858

Qy      1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4859 AGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGC 4918

Qy      1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4919 TCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCG 4978

Qy      1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4979 GGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGG 5038

Qy      1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      5039 CTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAAC 5098

Qy      1662 euValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaI 1682
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5099 TTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCA 5158

Qy      1682 leValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuP 1702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db      5159 TTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGC 5218

Qy      1702 roIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysL 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5219 CCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGC 5278

Qy      1722 euLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProG 1742
```

```
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db      5279 TGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCC 5338

Qy      1742 lnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyV 1762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5339 AGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCG 5398

Qy      1762 alGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgH 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5399 TGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTC 5458

Qy      1782 isAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyA 1802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5459 ATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTG 5518

Qy      1802 spAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysT 1822
             ||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db      5519 ACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCT 5578

Qy      1822 yrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValL 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5579 ACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGC 5638

Qy      1842 euValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaL 1862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5639 TAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCA 5698

Qy      1862 ysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnP 1882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5699 AGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGC 5758

Qy      1882 roHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrA 1902
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |
Db      5759 CCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCG 5818

Qy      1902 spSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheS 1922
             ||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||||   ||||
Db      5819 ACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTT 5878

Qy      1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
             ||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||         |||||||
Db      5879 CCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAG 5929

Qy      1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5930 ACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCT 5989

Qy      1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
             |||||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db      5990 ACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCC 6049

Qy      1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
             ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db      6050 CCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACA 6109

Qy      2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
             ||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||
Db      6110 TCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGG 6169

Qy      2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
             ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6170 GCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGC 6229

Qy      2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6230 GCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACC 6289

Qy      2062 euLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyG 2082
             |||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||
Db      6290 TGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCC 6349

Qy      2082 lySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleA 2102
               ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::

Db      6350 AGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGA 6409

Qy      2102 rgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrA 2122
                  ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||
Db      6410 CCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCA 6469

Qy      2122 rgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProS 2141
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db      6470 GAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTG 6529

Qy      2141 erSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrG 2161
                  ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db      6530 GCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCC 6589

Qy      2161 lnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaV 2181
             ||||||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6590 AGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCG 6649

Qy      2181 alSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyG 2201
             |||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||
Db      6650 TCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGG 6709

Qy      2201 lyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleS 2221
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db      6710 GCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCA 6769

Qy      2221 erIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuA 2241
             ::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||
Db      6770 CCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCC 6829

Qy      2241 rgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerT 2261
             ||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||
Db      6830 GGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCTGACAGCA 6889

Qy      2261 hrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspP 2281
               |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      6890 TGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACC 6949

Qy      2281 roThrAspMetAspPro 2286
             ||   |||:::||||||
Db      6950 CAGCAGACCTGGACCCC 6966

RESULT 11
AR201015
LOCUS       AR201015                7741 bp    DNA     linear   PAT 20-APR-2002
DEFINITION  Sequence 4 from patent US 6358706.
ACCESSION   AR201015
VERSION     AR201015.1  GI:20251903
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7741)
  AUTHORS   Dubin,A.E., Galindo,J.E., Pyati,J., Zhu,J.Y. and Erlander,M.G.
  TITLE     DNA encoding human alpha1G-C T-Type calcium channel
  JOURNAL   Patent: US 6358706-A 4 19-MAR-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..7741
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:        7741
Score:                  11066.50       Matches:       2134
Percent Similarity:     93.81%        Conservative:  33
Best Local Similarity:  92.38%        Mismatches:    112
Query Match:            92.01%        Indels:        31
DB:                     6             Gaps:          5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AR201015 (1-7741)

Qy         3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
```

```
            |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db      431 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 490

Qy       23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
               |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      491 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 550

Qy       43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
            |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db      551 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 610

Qy       63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
            ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      611 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 670

Qy       82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      671 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 730

Qy      102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db      731 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 790

Qy      122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      791 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 850

Qy      142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      851 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 910

Qy      162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      911 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 970

Qy      182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      971 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 1030

Qy      202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1031 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 1090

Qy      222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1091 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1150

Qy      242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1151 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1210

Qy      262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1211 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1270

Qy      282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
            ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1271 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1330

Qy      302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1331 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1390

Qy      322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
            ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db     1391 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1450

Qy      342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1451 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1510

Qy      362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1511 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1570

Qy      382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1571 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1630

Qy      402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1631 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1690

Qy      422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1691 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1750

Qy      442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1751 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1810

Qy      462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1811 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1870

Qy      482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
            |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||
Db     1871 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1930

Qy      502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                    |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db     1931 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1990

Qy      522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1991 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 2050

Qy      542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
            |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2051 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 2110

Qy      562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
            ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db     2111 GCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCG 2170

Qy      582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2171 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2230

Qy      602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
            ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2231 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2290

Qy      622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
            ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db     2291 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2350

Qy      642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
            |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db     2351 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2410

Qy      662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db     2411 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2470

Qy      682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
            ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2471 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2530

Qy      702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
            ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db     2531 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2590

Qy      722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2591 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2650
```

```
Qy      742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
            ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2651 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2707

Qy      762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2708 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2767

Qy      782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2768 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2827

Qy      802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2828 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2887

Qy      822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2888 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2947

Qy      842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2948 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 3007

Qy      862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3008 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 3067

Qy      882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3068 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 3127

Qy      902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3128 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3187

Qy      922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3188 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3247

Qy      942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3248 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3307

Qy      962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3308 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3367

Qy      982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3368 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3427

Qy     1002 laGlu------------------------------------------------------- 1003
            |||||
Db     3428 CGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTG 3487

Qy     1004 --------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProS 1019
                          |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3488 TCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCA 3547

Qy     1019 erValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisA 1039
            ||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||| 
Db     3548 GCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACC 3607

Qy     1039 laGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetS 1059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3608 CGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGT 3667

Qy     1059 erHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgT 1079
            ||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||
Db     3668 CGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCA 3727

Qy     1079 hrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProS 1099
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||||||
Db     3728 CCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCA 3784

Qy     1099 erAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgS 1119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3785 GCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCT 3844

Qy     1119 erSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluA 1139
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3845 CCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGC 3904

Qy     1139 rgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluG 1159
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3905 GGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAG 3964

Qy     1159 luAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluA 1179
            ||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3965 AGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGG 4024

Qy     1179 laLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaS 1199
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4025 CCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCA 4084

Qy     1199 erGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgL 1219
            ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4085 GTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCC 4144

Qy     1219 euAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluG 1239
            ||||||||   ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::|||||||
Db     4145 TGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGG 4204

Qy     1239 lyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysC 1259
            |||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||
Db     4205 GCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCT 4264

Qy     1259 ysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuL 1279
            ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4265 GCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCC 4324

Qy     1279 euCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheL 1299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4325 TGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCC 4384

Qy     1299 euAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgI 1319
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4385 TTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCA 4444

Qy     1319 lePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValL 1339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4445 TCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGA 4504

Qy     1339 ysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnV 1359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4505 AGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACG 4564

Qy     1359 alLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerA 1379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4565 TGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTG 4624

Qy     1379 spSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgP 1399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4625 ACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCC 4684

Qy     1399 roLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerS 1419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4685 CGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCT 4744

Qy     1419 erLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyI 1439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4745 CACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCA 4804

Qy     1439 leLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgA 1459
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4805 TCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGA 4864

Qy        1459 snIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrA 1479
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4865 ACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACA 4924

Qy        1479 snPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyT 1499
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4925 ACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTT 4984

Qy        1499 rpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetA 1519
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4985 GGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGA 5044

Qy        1519 snHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheV 1539
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5045 ACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTG 5104

Qy        1539 alLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnG 1559
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5105 TCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGG 5164

Qy        1559 luGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgA 1579
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5165 AGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAA 5224

Qy        1579 rgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5225 GGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 5284

Qy        1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5285 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 5344

Qy        1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5345 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 5404

Qy        1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        5405 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 5464

Qy        1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
               ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5465 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5524

Qy        1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5525 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5584

Qy        1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5585 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5644

Qy        1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db        5645 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5704

Qy        1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5705 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5764

Qy        1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5765 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5824

Qy        1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5825 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5884

Qy        1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db        5885 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5944

Qy        1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5945 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 6004

Qy        1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6005 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 6064

Qy        1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6065 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 6124

Qy        1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db        6125 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 6184

Qy        1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
               ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db        6185 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 6244

Qy        1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProL 1939
               ||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db        6245 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA------- 6297

Qy        1939 euGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProA 1959
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6298 --GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCA 6355

Qy        1959 snAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyT 1979
               ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||
Db        6356 ATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCT 6415

Qy        1979 rpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspT 1999
               |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db        6416 GGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATA 6475

Qy        1999 hrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaP 2019
               |||||   |||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   ||||
Db        6476 CCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCC 6535

Qy        2019 roThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgP 2039
               |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6536 CAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGC 6595

Qy        2039 roLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerA 2059
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6596 CACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCC 6655

Qy        2059 rgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerP 2079
               ||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||
Db        6656 GGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTT 6715

Qy        2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
               ||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::||||
Db        6716 TCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCA 6775

Qy        2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
               |||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   ||||
Db        6776 AGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTC 6835

Qy        2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6836 CAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCC 6895

Qy        2139 eu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerV 2158
               ||   |||      ||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db        6896 TGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCG 6955

Qy        2158 alGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisS 2178
               |||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db        6956 TGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACT 7015
```

```
Qy       2178 erIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerS 2198
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:
Db       7016 CTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTA 7075

Qy       2198 erLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProP 2218
              ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7076 ACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCCGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGC 7135

Qy       2218 roSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyV 2238
              ||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:
Db       7136 CTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTA 7195

Qy       2238 alCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProL 2258
              ::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||
Db       7196 TCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCC 7255

Qy       2258 euAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuS 2278
                ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       7256 CTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTAT 7315

Qy       2278 erSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||   |||:::||||||
Db       7316 CCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 7341

RESULT 12
AF126965
LOCUS       AF126965                7253 bp    mRNA    linear   PRI 29-FEB-2000
DEFINITION  Homo sapiens voltage-dependent calcium channel alpha 1G subunit b
            isoform (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF126965
VERSION     AF126965.1  GI:4761538
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 7253)
  AUTHORS   Monteil,A., Chemin,J., Bourinet,E., Mennessier,G., Lory,P. and
            Nargeot,J.
  TITLE     Molecular and functional properties of the human alpha(1G) subunit
            that forms T-type calcium channels
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 275 (9), 6090-6100 (2000)
  MEDLINE   20158909
   PUBMED   10692398
REFERENCE   2  (bases 1 to 7253)
  AUTHORS   Monteil,A., Menessier,G., Bourinet,E., Lory,P. and Nargeot,J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (09-FEB-1999) Human Genetics Institute (I.G.H.) U.P.R.
            1142, C.N.R.S., 141 rue de la Cardonille, Montpellier 34396, France
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..7253
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            1..7253
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             176..6907
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="CACNA1G-b; T-type"
                     /codon_start=1
                     /product="voltage-dependent calcium channel alpha 1G
                     subunit b isoform"
                     /protein_id="AAD29400.1"
                     /db_xref="GI:4761539"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFMRLNDLSGAGGRPGPGSAEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERISMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLERYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGDGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAAGVRVGLLSSPAPLGGQETQPSSSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRAPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPALSGAPPGGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPETLKEKALVEVAASSGPPTLTSLNI
                     PPGPYSSMHKLLETQSTGACQSSCKISSPCLKADSGACGPDSCPYCARAGAGEVELAD
                     REMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEGD
                     ANKSESEPDFFSPSLDGDGDRKKCLALVSLGEHPELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKS
                     TSTGLGEALGPASRRTSSSGSAEPGAAHEMKSPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRN
                     SLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEERASPAGSDHRHRGSLEREAK
                     SSFDLPDTLQVPGLHRTASGRGSASEHQDCNGKSASGRLARALRPDDPPLDGDDADDE
                     GNLSKGERVRAWIRARLPACCLERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVI
                     IFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLR
                     SSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLV
                     VETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEAS
                     YRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYF
                     ISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRKAQCKPY
                     YSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALKICNYIFT
                     VIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLPINPTIIR
                     IMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAALGVELFGD
                     LECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQESTCYNTV
                     ISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMKTLSPQPH
                     SPLGSPFLWPGVEGPDSPDSPKPGALHPAAHARSASHFSLEHPTMQPHPTELPGPDLL
                     TVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRHGSTAEGPLGHRGWGLPKAQSGSVLSVHSQPADTSYI
                     LQLPKDAPHLLQPHSAPTWGTIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQGLGSRE
                     DLLAEVSGPSPPLARAYSFWGQSSTQAQQHSRSHSKISKHMTPPAPCPGPEPNWGKGP
                     PETRSSLELDTELSWISGDLLPPGGQEEPPSPRDLKKCYSVEAQSCQRRPTSWLDEQR
                     RHSIAVSCLDSGSQPHLGTDPSNLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSITIDPPESQGPRTP
                     PSPGICLRRRAPSSDSKDPLASGPPDSMAASPSPKKDVLSLSGLSSDPADLDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:        7253
Score:                  11037.50       Matches:       2126
Percent Similarity:     94.45%        Conservative:  34
Best Local Similarity:  92.96%        Mismatches:    112
Query Match:            91.77%        Indels:        15
DB:                     9             Gaps:          5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF126965 (1-7253)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db         84 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 143

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                 |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        144 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 203

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        204 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 263

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| |||||||||  ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        264 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 323

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        324 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 383

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        384 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 443

Qy        122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        444 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 503

Qy        142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        504 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 563

Qy        162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        564 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 623

Qy        182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        624 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 683

Qy        202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        684 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 743

Qy        222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        744 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 803

Qy        242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        804 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 863

Qy        262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        864 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 923

Qy        282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        924 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 983

Qy        302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        984 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1043

Qy        322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
              ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1044 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1103

Qy        342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1104 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1163

Qy        362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1164 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1223

Qy        382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1224 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1283

Qy        402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1284 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1343

Qy        422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1344 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1403

Qy        442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1404 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1463

Qy        462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1464 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1523

Qy        482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db       1524 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1583

Qy        502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                      |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db       1584 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1643

Qy        522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1644 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 1703

Qy        542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
              |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1704 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 1763

Qy        562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db       1764 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCG 1823

Qy        582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1824 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 1883

Qy        602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
              ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1884 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 1943

Qy        622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db       1944 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2003

Qy        642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
              |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db       2004 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2063

Qy        662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db       2064 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2123

Qy        682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
              ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2124 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2183

Qy        702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
              ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db       2184 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2243

Qy        722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2244 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2303

Qy        742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2304 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2360

Qy        762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2361 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2420

Qy        782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2421 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2480

Qy        802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2481 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2540

Qy        822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2541 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2600

Qy        842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2601 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2660

Qy        862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2661 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2720
```

```
Qy        882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2721 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 2780

Qy        902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2781 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 2840

Qy        922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2841 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 2900

Qy        942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2901 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 2960

Qy        962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2961 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3020

Qy        982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3021 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3080

Qy       1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
              ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3081 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3140

Qy       1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
              ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db       3141 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3200

Qy       1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db       3201 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3260

Qy       1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
              |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db       3261 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3320

Qy       1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
              ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       3321 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3377

Qy       1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3378 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3437

Qy       1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3438 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3497

Qy       1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3498 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3557

Qy       1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3558 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3617

Qy       1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       3618 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3677

Qy       1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       3678 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3737

Qy       1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuS 1242
                ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||||||||||
Db       3738 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGA 3797

Qy       1242 erLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluA 1262
              ||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||
Db       3798 GCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGC 3857

Qy       1262 rgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisA 1282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3858 GAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACC 3917

Qy       1282 rgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysI 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3918 GGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCA 3977

Qy       1302 leThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuT 1322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3978 TCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGA 4037

Qy       1322 hrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValA 1342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4038 CCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGG 4097

Qy       1342 laLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspG 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4098 CACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACG 4157

Qy       1362 lyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyT 1382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4158 GGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCA 4217

Qy       1382 hrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgV 1402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4218 CCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGG 4277

Qy       1402 alIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysP 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4278 TGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAAC 4337

Qy       1422 roIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyV 1442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4338 CCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGG 4397

Qy       1442 alGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrA 1462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4398 TGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCA 4457

Qy       1462 snLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspA 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4458 ATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACA 4517

Qy       1482 snLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspI 1502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4518 ACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACA 4577

Qy       1502 leMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnP 1522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4578 TCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACC 4637

Qy       1522 roTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnM 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4638 CCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACA 4697

Qy       1542 etPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluG 1562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4698 TGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGG 4757

Qy       1562 luAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysG 1582
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4758 AGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGG------- 4810

Qy       1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
                            :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4811 --------------AAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGC 4856

Qy       1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4857 TCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCG 4916

Qy          1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4917 GGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGG 4976

Qy          1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db          4977 CTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAAC 5036

Qy          1662 euValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaI 1682
                 |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5037 TTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCA 5096

Qy          1682 leValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuP 1702
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db          5097 TTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGC 5156

Qy          1702 roIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysL 1722
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5157 CCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGC 5216

Qy          1722 euLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProG 1742
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db          5217 TGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCC 5276

Qy          1742 lnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyV 1762
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5277 AGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCG 5336

Qy          1762 alGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgH 1782
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5337 TGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTC 5396

Qy          1782 isAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyA 1802
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5397 ATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTG 5456

Qy          1802 spAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysT 1822
                 ||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db          5457 ACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCT 5516

Qy          1822 yrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValL 1842
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5517 ACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGC 5576

Qy          1842 euValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaL 1862
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5577 TAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCA 5636

Qy          1862 ysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnP 1882
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5637 AGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGC 5696

Qy          1882 roHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrA 1902
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |
Db          5697 CCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCG 5756

Qy          1902 spSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheS 1922
                 ||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||||   ||||
Db          5757 ACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTT 5816

Qy          1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
                 ||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||         |||||||
Db          5817 CCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAG 5867

Qy          1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          5868 ACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCT 5927

Qy          1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
                 |||||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db          5928 ACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCC 5987

Qy          1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
                 ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db          5988 CCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACA 6047

Qy          2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
                 ||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||
Db          6048 TCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGG 6107

Qy          2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
                 ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          6108 GCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGC 6167

Qy          2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          6168 GCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACC 6227

Qy          2062 euLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyG 2082
                 |||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||
Db          6228 TGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCC 6287

Qy          2082 lySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleA 2102
                   ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::
Db          6288 AGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGA 6347

Qy          2102 rgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrA 2122
                      ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||
Db          6348 CCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCA 6407

Qy          2122 rgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProS 2141
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db          6408 GAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTG 6467

Qy          2141 erSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrG 2161
                      ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db          6468 GCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCC 6527

Qy          2161 lnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaV 2181
                 ||||||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          6528 AGAGCTGCCAGCGCCGGCCCACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCG 6587

Qy          2181 alSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyG 2201
                 |||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||
Db          6588 TCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGG 6647

Qy          2201 lyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleS 2221
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db          6648 GCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCA 6707

Qy          2221 erIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuA 2241
                 ::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||
Db          6708 CCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCC 6767

Qy          2241 rgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerT 2261
                 ||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||
Db          6768 GGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCA 6827

Qy          2261 hrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspP 2281
                   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db          6828 TGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACC 6887

Qy          2281 roThrAspMetAspPro 2286
                 ||   |||:::||||||
Db          6888 CAGCAGACCTGGACCCC 6904

RESULT 13
AR201014
LOCUS       AR201014                6822 bp    DNA     linear   PAT 20-APR-2002
DEFINITION  Sequence 3 from patent US 6358706.
ACCESSION   AR201014
VERSION     AR201014.1  GI:20251902
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
```

```
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6822)
  AUTHORS   Dubin,A.E., Galindo,J.E., Pyati,J., Zhu,J.Y. and Erlander,M.G.
  TITLE     DNA encoding human alpha1G-C T-Type calcium channel
  JOURNAL   Patent: US 6358706-A 3 19-MAR-2002;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6822
                     /organism="unknown"
                     /mol_type="unassigned DNA"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:          6822
Score:                  10948.50        Matches:         2111
Percent Similarity:     94.03%         Conservative:    32
Best Local Similarity:  92.63%         Mismatches:      105
Query Match:            91.03%         Indels:          31
DB:                     6              Gaps:            5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AR201014 (1-6822)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781
```

```
Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db        842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db       1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy        533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy        553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy        573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                   ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy        593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db       1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861
```

```
Qy          653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
                ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy          673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
                |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||
Db         1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy          693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||   |||   |
Db         1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy          713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
                |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy          733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
                |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy          753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy          773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy          793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy          813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy          833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy          853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy          873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy          893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy          913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy          933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy          953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy          973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy          993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
                ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy         1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                         |||||||||   |||||||
Db         2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy         1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
                |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db         2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy         1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
                |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy         1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
                |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db         3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy         1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
                |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy         1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
                ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy         1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy         1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy         1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
                |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db         3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy         1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy         1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db         3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy         1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db         3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy         1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
                ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db         3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy         1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
                ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy         1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy         1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy         1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy         1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy         1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy      1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy      1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy      1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy      1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy      1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy      1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy      1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy      1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy      1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy      1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy      1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnC 1590
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGT 4735

Qy      1590 ysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrS 1610
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4736 GCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCA 4795

Qy      1610 erHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaM 1630
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4796 GCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCA 4855

Qy      1630 etGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIleP 1650
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4856 TGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCT 4915

Qy      1650 heThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgP 1670
             |||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db      4916 TCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGT 4975

Qy      1670 hePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyI 1690
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4976 TCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCA 5035

Qy      1690 leThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgI 1710
             ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5036 TCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCA 5095

Qy      1710 leMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetA 1730
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5096 TCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGC 5155

Qy      1730 rgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuP 1750
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5156 GGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCT 5215

Qy      1750 heMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluC 1770
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5216 TCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGT 5275

Qy      1770 ysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyM 1790
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5276 GTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCA 5335

Qy      1790 etAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysA 1810
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5336 TGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGG 5395

Qy      1810 spProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleT 1830
             ||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5396 ACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCT 5455

Qy      1830 yrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValL 1850
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5456 ACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGC 5515

Qy      1850 euMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaG 1870
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5516 TGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTG 5575

Qy      1870 luLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProP 1890
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5576 AGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCT 5635

Qy      1890 heLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProH 1910
             |||||||||||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |
Db      5636 TCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGC 5695

Qy      1910 isThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValP 1930
             ||      ||||||      :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |
Db      5696 ACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGC 5755

Qy      1930 roHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerG 1950
             ||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5756 CCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTG 5806

Qy      1950 lyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrA 1970
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db      5807 GGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTG 5866

Qy      1970 laGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleL 1990
             |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db      5867 CCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCT 5926

Qy      1990 euSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValH 2010
             ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||
Db      5927 TGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCAC 5986

Qy      2010 isTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProP 2030
               :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db      5987 CTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCAC 6046

Qy      2030 roGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspS 2050
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6047 CAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACT 6106

Qy      2050 erLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProS 2070
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db      6107 CCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCT 6166

Qy      2070 erCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnA 2090
             ||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||
Db      6167 CCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGC 6226
```

```
Qy       2090 rgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyL 2110
                |||         ||||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||
Db       6227 ACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCC 6286

Qy       2110 euGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrG 2130
                ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6287 CAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGG 6346

Qy       2130 luLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheP 2149
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||      ||||||||||||      |
Db       6347 AGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCC 6406

Qy       2149 roArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyP 2169
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db       6407 CACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGT 6466

Qy       2169 heTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerG 2189
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6467 CCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCC 6526

Qy       2189 lnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlyS 2209
              |||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6527 AACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCCGGGA 6586

Qy       2209 erArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnG 2229
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||
Db       6587 GCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAG 6646

Qy       2229 lySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspS 2249
              ||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||||||
Db       6647 GTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACT 6706

Qy       2249 erLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysL 2269
              |||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||||||||||||||
Db       6707 CCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGA 6766

Qy       2269 ysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6767 AAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6819

RESULT 14
AF227744
LOCUS       AF227744                6822 bp    mRNA    linear   PRI 06-MAR-2000
DEFINITION  Homo sapiens voltage-dependent calcium channel alpha 1G subunit
            isoform ae (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF227744
VERSION     AF227744.1  GI:7159260
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6822)
  AUTHORS   Monteil,A., Chemin,J., Bourinet,E., Mennessier,G., Lory,P. and
            Nargeot,J.
  TITLE     Molecular and functional properties of the human alpha(1G) subunit
            that forms T-type calcium channels
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 275 (9), 6090-6100 (2000)
  MEDLINE   20158909
   PUBMED   10692398
REFERENCE   2  (bases 1 to 6822)
  AUTHORS   Monteil,A., Mennessier,G., Bourinet,E., Lory,P. and Nargeot,J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (21-JAN-2000) C.N.R.S., Human Genetics Institute (I.G.H.)
            U.P.R. 1142, 141 rue de la Cardonille, Montpellier 34396, France
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6822
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /tissue_type="thalamus"
     gene            1. .6822
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             1. .6822
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="Alpha1G-ae; expressed in thalamus and cerebellum"
                     /codon_start=1
                     /product="voltage-dependent calcium channel alpha 1G
                     subunit isoform ae"
                     /protein_id="AAF37689.1"
                     /db_xref="GI:7159261"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFMRLNDLSGAGGRPGPGSAEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERISMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLERYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGDGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAAGVRVGLLSSPAPLGGQETQPSSSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRAPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPALSGAPPGGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPETLKEKALVEVAASSGPPTLTSLNI
                     PPGPYSSMHKLLETQSTGACQSSCKISSPCLKADSGACGPDSCPYCARAGAGEVELAD
                     REMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEEI
                     SKREDASGQLSCIQLPVDSQGGDANKSESEPDFFSPSLDGDGDRKKCLALVSLGEHPE
                     LRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKSTSTGLGEALGPASRRTSSSGSAEPGAAHEMKSPPS
                     ARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRNSLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESS
                     EEERASPAGSDHRHRGSLEREAKSSFDLPDTLQVPGLHRTASGRGSASEHQDCNGKSA
                     SGRLARALRPDDPPLDGDDADDEGNLSKGERVRAWIRARLPACCLERDSWSAYIFPPQ
                     SRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVIIFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAV
                     FLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLRSSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLR
                     VLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLVVETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKG
                     KFFVCQGEDTRNITNKSDCAEASYRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYD
                     GLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYFISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEA
                     RRREEKRLRRLEKKRRSKEKQMAEAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVI
                     GLNVVTMAMEHYQQPQILDEALKICNYIFTVIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLD
                     LAIVLLSIMGITLEEIEVNASLPINPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVM
                     QALPQVGNLGLLFMLLFFIFAALGVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTL
                     FRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQESTCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKH
                     LEESNKEAKEEAELEAELELEMKTLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGPDSPDSPKPGALHP
                     AAHARSASHFSLEHPTMQPHPTELPGPDLLTVRKSGVSRTHSLPNDSYMCRHGSTAEG
                     PLGHRGWGLPKAQSGSVLSVHSQPADTSYILQLPKDAPHLLQPHSAPTWGTIPKLPPP
                     GRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQGLGSREDLLAEVSGPSPPLARAYSFWGQSSTQAQ
                     QHSRSHSKISKHMTPPAPCPGPEPNWGKGPPETRSSLELDTELSWISGDLLPPGGQEE
                     PPSPRDLKKCYSVEAQSCQRRPTSWLDEQRRHSIAVSCLDSGSQPHLGTDPSNLGGQP
                     LGGPGSRPKKKLSPPSITIDPPESQGPRTPPSPGICLRRRAPSSDSKDPLASGPPDSM
                     AASPSPKKDVLSLSGLSSDPADLDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:         6822
Score:                  10948.50      Matches:        2111
Percent Similarity:     94.03%        Conservative:   32
Best Local Similarity:  92.63%        Mismatches:     105
Query Match:            91.03%        Indels:         31
DB:                     9             Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF227744 (1-6822)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db        842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db       1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy        533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy        553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy        573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                   ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy        593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db       1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy        653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
              ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy        673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
              |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy        693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db       1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy        713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
              |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy        733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
              |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy        753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy        773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy        793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy        813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398
```

```
Qy         833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy         853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy         873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy         893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy         913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy         933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy         953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy         973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy         993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
               ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy        1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                        |||||||||   |||||||
Db        2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy        1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
               |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db        2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy        1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
               |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy        1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
               |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db        3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy        1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
               |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy        1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
               ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy        1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy        1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy        1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
               |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy        1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy        1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db        3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy        1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db        3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy        1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
               ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db        3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy        1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
               ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy        1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy        1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy        1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy        1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy        1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy        1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy        1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy        1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy        1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy        1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy        1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy        1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy        1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy        1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy         1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy         1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnC 1590
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGT 4735

Qy         1590 ysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrS 1610
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4736 GCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCA 4795

Qy         1610 erHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaM 1630
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4796 GCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCA 4855

Qy         1630 etGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIleP 1650
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4856 TGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCT 4915

Qy         1650 heThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgP 1670
                |||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         4916 TCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGT 4975

Qy         1670 hePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyI 1690
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4976 TCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCA 5035

Qy         1690 leThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgI 1710
                ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5036 TCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCA 5095

Qy         1710 leMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetA 1730
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5096 TCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGC 5155

Qy         1730 rgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuP 1750
                |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5156 GGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCT 5215

Qy         1750 heMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluC 1770
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5216 TCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGT 5275

Qy         1770 ysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyM 1790
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5276 GTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCA 5335

Qy         1790 etAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysA 1810
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5336 TGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGG 5395

Qy         1810 spProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleT 1830
                ||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5396 ACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCT 5455

Qy         1830 yrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValL 1850
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5456 ACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGC 5515

Qy         1850 euMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaG 1870
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5516 TGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTG 5575

Qy         1870 luLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProP 1890
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5576 AGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCT 5635

Qy         1890 heLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProH 1910
                |||||||||||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |
Db         5636 TCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGC 5695

Qy         1910 isThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValP 1930
                ||      ||||||      :::||||||   |||||||||||||||||||||||    |
Db         5696 ACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGC 5755

Qy         1930 roHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerG 1950
                ||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5756 CCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTG 5806

Qy         1950 lyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrA 1970
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db         5807 GGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTG 5866

Qy         1970 laGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleL 1990
                |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db         5867 CCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCT 5926

Qy         1990 euSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValH 2010
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||
Db         5927 TGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCAC 5986

Qy         2010 isTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProP 2030
                  :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db         5987 CTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCAC 6046

Qy         2030 roGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspS 2050
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6047 CAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACT 6106

Qy         2050 erLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProS 2070
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db         6107 CCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCT 6166

Qy         2070 erCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnA 2090
                ||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||
Db         6167 CCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGC 6226

Qy         2090 rgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyL 2110
                  |||         ||||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||
Db         6227 ACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCC 6286

Qy         2110 euGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrG 2130
                  ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6287 CAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGG 6346

Qy         2130 luLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheP 2149
                |||||||||||||||||||||||||||||   |||      ||||||||||||      |
Db         6347 AGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCC 6406

Qy         2149 roArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyP 2169
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         6407 CACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCCACGT 6466

Qy         2169 heTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerG 2189
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6467 CCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCC 6526

Qy         2189 lnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlyS 2209
                |||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6527 AACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGA 6586

Qy         2209 erArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnG 2229
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||
Db         6587 GCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAG 6646

Qy         2229 lySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspS 2249
                ||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||||||
Db         6647 GTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACT 6706

Qy         2249 erLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysL 2269
                |||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||||||||||||||
Db         6707 CCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGA 6766
```

```
Qy       2269 ysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6767 AAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6819

RESULT 15
AF227746
LOCUS       AF227746                6897 bp    mRNA    linear   PRI 06-MAR-2000
DEFINITION  Homo sapiens voltage-dependent calcium channel alpha 1G subunit
            isoform af (CACNA1G) mRNA, complete cds.
ACCESSION   AF227746
VERSION     AF227746.1  GI:7159264
KEYWORDS    .
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6897)
  AUTHORS   Monteil,A., Chemin,J., Bourinet,E., Mennessier,G., Lory,P. and
            Nargeot,J.
  TITLE     Molecular and functional properties of the human alpha(1G) subunit
            that forms T-type calcium channels
  JOURNAL   J. Biol. Chem. 275 (9), 6090-6100 (2000)
  MEDLINE   20158909
   PUBMED   10692398
REFERENCE   2  (bases 1 to 6897)
  AUTHORS   Monteil,A., Mennessier,G., Bourinet,E., Lory,P. and Nargeot,J.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (21-JAN-2000) C.N.R.S., Human Genetics Institute (I.G.H.)
            U.P.R. 1142, 141 rue de la Cardonille, Montpellier 34396, France
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6897
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /tissue_type="thalamus"
     gene            1. .6897
                     /gene="CACNA1G"
     CDS             1. .6897
                     /gene="CACNA1G"
                     /note="Alpha1G-af; expressed in cerebellum and thalamus"
                     /codon_start=1
                     /product="voltage-dependent calcium channel alpha 1G
                     subunit isoform af"
                     /protein_id="AAF37691.1"
                     /db_xref="GI:7159265"
                     /translation="MDEEEDGAGAEESGQPRSFMRLNDLSGAGGRPGPGSAEKDPGSA
                     DSEAEGLPYPALAPVVFFYLSQDSRPRSWCLRTVCNPWFERISMLVILLNCVTLGMFR
                     PCEDIACDSQRCRILQAFDDFIFAFFAVEMVVKMVALGIFGKKCYLGDTWNRLDFFIV
                     IAGMLEYSLDLQNVSFSAVRTVRVLRPLRAINRVPSMRILVTLLLDTLPMLGNVLLLC
                     FFVFFIFGIVGVQLWAGLLRNRCFLPENFSLPLSVDLERYYQTENEDESPFICSQPRE
                     NGMRSCRSVPTLRGDGGGGPPCGLDYEAYNSSSNTTCVNWNQYYTNCSAGEHNPFKGA
                     INFDNIGYAWIAIFQVITLEGWVDIMYFVMDAHSFYNFIYFILLIIVGSFFMINLCLV
                     VIATQFSETKQRESQLMREQRVRFLSNASTLASFSEPGSCYEELLKYLVYILRKAARR
                     LAQVSRAAGVRVGLLSSPAPLGGQETQPSSSCSRSHRRLSVHHLVHHHHHHHHYHLG
                     NGTLRAPRASPEIQDRDANGSRRLMLPPPSTPALSGAPPGGAESVHSFYHADCHLEPV
                     RCQAPPPRSPSEASGRTVGSGKVYPTVHTSPPPETLKEKALVEVAASSGPPTLTSLNI
                     PPGPYSSMHKLLETQSTGACQSSCKISSPCLKADSGACGPDSCPYCARAGAGEVELAD
                     REMPDSDSEAVYEFTQDAQHSDLRDPHSRRQRSLGPDAEPSSVLAFWRLICDTFRKIV
                     DSKYFGRGIMIAILVNTLSMGIEYHEQPEELTNALEISNIVFTSLFALEMLLKLLVYG
                     PFGYIKNPYNIFDGVIVVISVWEIVGQQGGGLSVLRTFRLMRVLKLVRFLPALQRQLV
                     VLMKTMDNVATFCMLLMLFIFIFSILGMHLFGCKFASERDGDTLPDRKNFDSLLWAIV
                     TVFQILTQEDWNKVLYNGMASTSSWAALYFIALMTFGNYVLFNLLVAILVEGFQAEGD
                     ANKSESEPDFFSPSLDGDGDRKKCLALVSLGEHPELRKSLLPPLIIHTAATPMSLPKS
                     TSTGLGEALGPASRRTSSSGSAEPGAAHEMKSPPSARSSPHSPWSAASSWTSRRSSRN
                     SLGRAPSLKRRSPSGERRSLLSGEGQESQDEEESSEEERASPAGSDHRHRGSLEREAK
                     SSFDLPDTLQVPGLHRTASGRGSASEHQDCNGKSASGRLARALRPDDPPLDGDDADDE
                     GNLSKGERVRAWIRARLPACCLERDSWSAYIFPPQSRFRLLCHRIITHKMFDHVVLVI
                     IFLNCITIAMERPKIDPHSAERIFLTLSNYIFTAVFLAEMTVKVVALGWCFGEQAYLR
                     SSWNVLDGLLVLISVIDILVSMVSDSGTKILGMLRVLRLLRTLRPLRVISRAQGLKLV
                     VETLMSSLKPIGNIVVICCAFFIIFGILGVQLFKGKFFVCQGEDTRNITNKSDCAEAS
                     YRWVRHKYNFDNLGQALMSLFVLASKDGWVDIMYDGLDAVGVDQQPIMNHNPWMLLYF
                     ISFLLIVAFFVLNMFVGVVVENFHKCRQHQEEEEARRREEKRLRRLEKKRRSKEKQMA
```

```
                     EAQCKPYYSDYSRFRLLVHHLCTSHYLDLFITGVIGLNVVTMAMEHYQQPQILDEALK
                     ICNYIFTVIFVLESVFKLVAFGFRRFFQDRWNQLDLAIVLLSIMGITLEEIEVNASLP
                     INPTIIRIMRVLRIARVLKLLKMAVGMRALLDTVMQALPQVGNLGLLFMLLFFIFAAL
                     GVELFGDLECDETHPCEGLGRHATFRNFGMAFLTLFRVSTGDNWNGIMKDTLRDCDQE
                     STCYNTVISPIYFVSFVLTAQFVLVNVVIAVLMKHLEESNKEAKEEAELEAELELEMK
                     TLSPQPHSPLGSPFLWPGVEGPDSPDSPKPGALHPAAHARSASHFSLEHPTDRQLFDT
                     ISLLIQGSLEWELKLMDELAGPGGQPSAFPSAPSLGGSDPQMQPHPTELPGPDLLTVR
                     KSGVSRTHSLPNDSYMCRHGSTAEGPLGHRGWGLPKAQSGSVLSVHSQPADTSYILQL
                     PKDAPHLLQPHSAPTWGTIPKLPPPGRSPLAQRPLRRQAAIRTDSLDVQGLGSREDLL
                     AEVSGPSPPLARAYSFWGQSSTQAQQHSRSHSKISKHMTPPAPCPGPEPNWGKGPPET
                     RSSLELDTELSWISGDLLPPGGQEEPPSPRDLKKCYSVEAQSCQRRPTSWLDEQRRHS
                     IAVSCLDSGSQPHLGTDPSNLGGQPLGGPGSRPKKKLSPPSITIDPPESQGPRTPPSP
                     GICLRRRAPSSDSKDPLASGPPDSMAASPSPKKDVLSLSGLSSDPADLDP"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         6897
Score:                  10936.00         Matches:        2111
Percent Similarity:     93.01%          Conservative:   32
Best Local Similarity:  91.62%          Mismatches:     105
Query Match:            90.92%          Indels:         56
DB:                     9               Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AF227746 (1-6897)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721
```

```
Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db        842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db       1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy        533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy        553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy        573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                   ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy        593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db       1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy        653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
              ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy        673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
              |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy        693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db       1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy        713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
              |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy        733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
              |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy        753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy        773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy        793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy        813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy        833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy        853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy        873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy        893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy        913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy        933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGC 2938

Qy        1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
               ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        2939 CCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGG 2998

Qy        1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
               ||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2999 TGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACA 3058

Qy        1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
               ||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||
Db        3059 CGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGG 3118

Qy        1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
               ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db        3119 GCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACG 3175

Qy        1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3176 AGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCA 3235

Qy        1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3236 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGA 3295

Qy        1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3296 GAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATG 3355

Qy        1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
               ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3356 AAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3415

Qy        1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3416 GGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAG 3475

Qy        1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
               ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3476 GGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCA 3535

Qy        1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
               ||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||
Db        3536 AGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCACTGGATGGGG 3595

Qy        1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
               |||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:
Db        3596 ATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGTGGATCCGAG 3655

Qy        1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
               ::||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3656 CCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTC 3715

Qy        1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3716 AGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGG 3775

Qy        1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3776 TCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3835

Qy        1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3836 CCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTC 3895

Qy        1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3896 TGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACC 3955

Qy        1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3956 TGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTC 4015
```

```
Qy        1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4016 TGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4075

Qy        1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4076 TGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGG 4135

Qy        1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4136 TGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCT 4195

Qy        1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4196 TCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCC 4255

Qy        1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4256 AGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGT 4315

Qy        1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4316 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTT 4375

Qy        1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4376 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGG 4435

Qy        1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4436 ACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGC 4495

Qy        1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4496 TCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACA 4555

Qy        1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4556 AGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAA 4615

Qy        1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProT 1593
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4616 GACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTT 4675

Qy        1593 yrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrL 1613
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4676 ACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACC 4735

Qy        1613 euAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisT 1633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4736 TGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACT 4795

Qy        1633 yrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValI 1653
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4796 ACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCA 4855

Qy        1653 lePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnA 1673
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        4856 TCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGG 4915

Qy        1673 spArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuG 1693
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4916 ACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGG 4975

Qy        1693 luGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
               |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4976 AGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGG 5035

Qy        1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5036 TGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGC 5095
```

```
Qy      1733 euHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuL 1753
             ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5096 TGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGT 5155

Qy      1753 euPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluT 1773
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5156 TGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGA 5215

Qy      1773 hrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheL 1793
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5216 CACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCC 5275

Qy      1793 euThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerA 1813
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |
Db      5276 TAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCC 5335

Qy      1813 rgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValS 1833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5336 GGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGT 5395

Qy      1833 erPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysH 1853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5396 CCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGC 5455

Qy      1853 isLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluL 1873
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5456 ACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGC 5515

Qy      1873 euGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpP 1893
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5516 TGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGC 5575

Qy      1893 roGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrA 1913
             ||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      |
Db      5576 CTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGG 5635

Qy      1913 laHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThr---------------- 1927
             |||||      :::||||||   |||||||||||||||||||||
Db      5636 CCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTG 5695

Qy      1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db      5696 ACACCATATCCCTGCTGATCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGC 5755

Qy      1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db      5756 TGGCAGGCCCAGGGGGCCAGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCG 5815

Qy      1928 --------MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuT 1945
                     |||   |||||||||   |||:::|||         ||||||||||||||||
Db      5816 ACCCACAGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGA 5866

Qy      1945 hrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysA 1965
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5867 CTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTC 5926

Qy      1965 rgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaG 1985
             ||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5927 GGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTC 5986

Qy      1985 lnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnL 2005
             |||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db      5987 AGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGC 6046

Qy      2005 euProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleP 2025
             |||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   ||||
Db      6047 TTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCC 6106

Qy      2025 roLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaA 2045
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6107 CCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAG 6166

Qy      2045 laIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerG 2065
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db      6167 CAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAG 6226

Qy      2065 luValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerI 2085
             |||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||
Db      6227 AGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTA 6286

Qy      2085 leGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProA 2105
               |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      ||||
Db      6287 CCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAG 6346

Qy      2105 laProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerL 2125
             ||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   ||||||||||||||||||||||
Db      6347 CCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCT 6406

Qy      2125 euGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnG 2144
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      ||||
Db      6407 TAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGG 6466

Qy      2144 luGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysA 2164
             ||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:
Db      6467 AGGAGCCCCCATCCCCACGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCC 6526

Qy      2164 rgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysL 2184
             ::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      6527 AGCGCCGGCCCACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCC 6586

Qy      2184 euAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProL 2204
             ||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::||||||||||||||||
Db      6587 TGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTC 6646

Qy      2204 euGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspP 2224
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||
Db      6647 TTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACC 6706

Qy      2224 roProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgA 2244
             |||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::||||||||||||||||
Db      6707 CCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGG 6766

Qy      2244 laProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaS 2264
             |||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||   |||||||
Db      6767 CTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCT 6826

Qy      2264 erProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspM 2284
             ||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:
Db      6827 CGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACC 6886

Qy      2284 etAspPro 2286
             ::||||||
Db      6887 TGGACCCC 6894
```

Search completed: April 28, 2005, 13:23:16
Job time : 14673 secs

THIS PAGE BLANK (USPTO)

```
                    GenCore version 5.1.6
           Copyright (c) 1993 - 2005  Compugen Ltd.


OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:          April 28, 2005, 00:21:50 ; Search time 1593 Seconds
                                             (without alignments)
                                             8498.712 Million cell updates/sec

Title:           US-09-611-257A-24
Perfect score:   12028
Sequence:        1 MLPHRVPRCVRTPPLRGSAR..........KKDTLSLSGLSSDPTDMDPZ 2287

Scoring table:   BLOSUM62
                 Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                 Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                 Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                 Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:        4390206 seqs, 2959870667 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      8780412

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09611257/runat_26042005_150448_14882/app_query.fasta_1.2439
-DB=N_Geneseq_16Dec04 -QFMT=fastap -SUFFIX=rng -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0
-LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi
-LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15
-MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US09611257_@CGN_1_1_863_@runat_26042005_150448_14882 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :       N_Geneseq_16Dec04:*
                 1:  geneseqn1980s:*
                 2:  geneseqn1990s:*
                 3:  geneseqn2000s:*
                 4:  geneseqn2001as:*
                 5:  geneseqn2001bs:*
                 6:  geneseqn2002as:*
                 7:  geneseqn2002bs:*
                 8:  geneseqn2003as:*
                 9:  geneseqn2003bs:*
                 10:  geneseqn2003cs:*
                 11:  geneseqn2003ds:*
                 12:  geneseqn2004as:*
                 13:  geneseqn2004bs:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                  SUMMARIES
                  %
Result            Query
  No.    Score   Match Length DB  ID                    Description
 ---------------------------------------------------------------------------
    1    12024   100.0   7540  5  AAF31677              Aaf31677 Rat alpha
    2    11980    99.6   6942 13   ADS16295              Ads16295 Rat volta
    3    11829    98.3   7286  3  AAZ52309              Aaz52309 Rat pancr
    4    11798    98.1   6762  2  AAX83485              Aax83485 Rat T-typ
    5    11767    97.8   6816  2  AAX83487              Aax83487 Rat T-typ
    6 11751.5    97.7   6795  2  AAX83486              Aax83486 Rat T-typ
    7 11747.5    97.7   6741  2  AAX83488              Aax83488 Rat T-typ
    8 11066.5    92.0   7741  4  AAD04756              Aad04756 Human T-t
    9   10970    91.2   6750  2  AAX83481              Aax83481 Human T-t
   10   10946    91.0   6804  2  AAX83483              Aax83483 Human T-t
   11 10923.5    90.8   6783  2  AAX83482              Aax83482 Human T-t
   12 10919.5    90.8   6729  2  AAX83484              Aax83484 Human T-t
   13   10916    90.8   6892  5  AAF31684              Aaf31684 Human alp
   14 10845.5    90.2   7648 13   ADQ89063              Adq89063 Human uro
   15 10845.5    90.2   7648 13   ADS16298              Ads16298 Human vol
   16 10843.5    90.2   8002  4  AAH98402              Aah98402 Human EST
   17    6248    51.9   8447  5  AAF31678              Aaf31678 Rat alpha
   18    6243    51.9   7898  2  AAX59081              Aax59081 Human act
   19    6242    51.9   7898  8  ABZ58365              Abz58365 Human T-t
   20    6241    51.9   7898  2  AAX59080              Aax59080 Human act
   21    6103    50.7   3993  4  AAS01624              Aas01624 Human T-t
   22    5895    49.0   6132  2  AAX83489              Aax83489 Human T-t
   23    5886    48.9   6114  2  AAX83490              Aax83490 Human T-t
   24  5738.5    47.7   6941  2  AAX59082              Aax59082 Human act
   25  5432.5    45.2   6990 13   ADS16296              Ads16296 Human vol
   26    5420    45.1   6816  6  AAS16826              Aas16826 Human T-t
   27    5420    45.1   6816  8  ABX93560              Abx93560 Human cDN
   28    5420    45.1   6816 12   ADH69264              Adh69264 Human TCC
   29    5420    45.1   6855  6  AAS16827              Aas16827 Human T-t
   30    5420    45.1   6855  8  ABX93561              Abx93561 Human cDN
   31    5420    45.1   6855 12   ADH69266              Adh69266 Human TCC
   32    5407    45.0   6503 12   ADH69275              Adh69275 Rat TCCV
   33  5346.5    44.5   5469  2  AAX83491              Aax83491 Human T-t
   34    5345    44.4   5505  2  AAX83492              Aax83492 Rat T-typ
   35  5200.5    43.2   5735  5  AAF31679              Aaf31679 Rat brain
   36    3950    32.8   5562  2  AAV57542              Aav57542 Human cal
   37    3950    32.8   5562  5  AAF31674              Aaf31674 Human alp
   38  3937.5    32.7   7969  4  ABL07263              Abl07263 Drosophil
   39  3861.5    32.1   6073 13   ADS16299              Ads16299 C. elegan
   40  3399.5    28.3   6933  5  AAS75141              Aas75141 DNA encod
   41    3356    27.9   2212  5  AAF31681              Aaf31681 Human alp
   42  2091.5    17.4   3464  4  AAK94358              Aak94358 Human ful
   43  2091.5    17.4   3464 12   ADL31040              Adl31040 Full leng
   44    1974    16.4   1669  2  AAX59083              Aax59083 Human act
   45  1751.5    14.6   7362  2  AAQ37817              Aaq37817 Sequence


                                 ALIGNMENTS

RESULT 1
AAF31677
ID   AAF31677 standard; cDNA; 7540 BP.
XX
AC   AAF31677;
XX
DT   09-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Rat alpha-IG calcium channel cDNA.
XX
KW   Rat; expressed sequence tag; EST; antiarrhythmic; anticonvulsant;
KW   hypotensive; cardiant; nootropic; T-type calcium channel subunit;
KW   cardiac hypertrophy; cardiac arrhythmia; hypertension; sleep disorder;
KW   epilepsy; alpha-IG calcium channel; ss.
XX
OS   Rattus sp.
XX
PN   WO200102561-A2.
XX
PD   11-JAN-2001.
XX
PF   04-JUL-2000; 2000WO-CA000794.
XX
PR   02-JUL-1999;   99US-00346794.
XX
PA   (NEUR-) NEUROMED TECHNOLOGIES INC.
XX
PI   Snutch TP,  Baillie DL;
XX
```

```
DR   WPI; 2001-123111/13.
DR   P-PSDB; AAB66475.
XX
PT   Novel T-type calcium channel alpha-1 subunit gene useful for treating
PT   cardiac hypertrophy, cardiac arrhythmia, hypertension, sleep disorder and
PT   epilepsy.
XX
PS   Example 2; Page 61-63; 103pp; English.
XX
CC   The present sequence is given in a specification providing sequences and
CC   partial sequences for three types of mammalian (human and rat) T-type
CC   calcium channel subunits. An expression cassette has been generated which
CC   comprises a nucleotide sequence encoding a T-type calcium channel alpha_1
CC   subunit operably linked to control sequences to effect its expression.
CC   The novel calcium channel nucleic acids and proteins are useful for
CC   treating conditions characterised by undesirable levels of T-type calcium
CC   channel activity such as cardiac hypertrophy, cardiac arrhythmia,
CC   hypertension, sleep disorder and epilepsy
XX
SQ   Sequence 7540 BP; 1502 A; 2313 C; 2161 G; 1564 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         7540
Score:                  12024.00        Matches:        2286
Percent Similarity:     100.00%        Conservative:   0
Best Local Similarity:  100.00%        Mismatches:     0
Query Match:            99.97%         Indels:         0
DB:                     5              Gaps:           0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAF31677 (1-7540)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        385 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 444

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        445 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 504

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        505 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 564

Qy         61 ProGlyAlaAlaGlyAlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAla 80
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        565 CCGGGGGCGGCAGGGGCCGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCG 624

Qy         81 GluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSer 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        625 GAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGC 684

Qy        101 ArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMet 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        685 CGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATG 744

Qy        121 LeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAla 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        745 CTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTGCC 804

Qy        141 CysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePhe 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        805 TGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTT 864

Qy        161 AlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeu 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        865 GCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACCTG 924

Qy        181 GlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSer 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        925 GGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATTCG 984

Qy        201 LeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeu 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        985 CTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTC 1044

Qy        221 ArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeu 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1045 AGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCTTG 1104

Qy        241 ProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleVal 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1105 CCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCGTG 1164

Qy        261 GlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSer 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1165 GGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGC 1224

Qy        281 LeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerPro 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1225 CTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCCCC 1284

Qy        301 PheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeu 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1285 TTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACACTG 1344

Qy        321 ArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSer 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1345 CGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTTCC 1404

Qy        341 SerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHis 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1405 AGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGCAC 1464

Qy        361 AsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePhe 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1465 AACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTC 1524

Qy        381 GlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSer 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1525 CAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACTCC 1584

Qy        401 PheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsn 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1585 TTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAAC 1644

Qy        421 LeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeu 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1645 CTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTG 1704

Qy        441 MetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGlu 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1705 ATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAG 1764

Qy        461 ProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAla 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1765 CCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAGCC 1824

Qy        481 ArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerPro 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1825 CGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCA 1884

Qy        501 ValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArg 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1885 GTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTCGT 1944

Qy        521 LeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGly 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1945 CTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGGGT 2004

Qy        541 AsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGly 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2005 AATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGG 2064

Qy        561 SerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArg 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2065 TCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGG 2124
```

```
Qy        581 GlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCys 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2125 GGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGC 2184

Qy        601 GlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLys 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2185 CAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAG 2244

Qy        621 ValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuVal 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2245 GTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAGTG 2304

Qy        641 GluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyPro 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2305 GAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGCCC 2364

Qy        661 PheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCys 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2365 TTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGC 2424

Qy        681 LysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysPro 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2425 AAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCC 2484

Qy        701 TyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSer 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2485 TACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACTCA 2544

Qy        721 AspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspPro 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2545 GACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATCCC 2604

Qy        741 HisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAla 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2605 CACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCT 2664

Qy        761 PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArg 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2665 TTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCCGG 2724

Qy        781 GlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGln 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2725 GGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGCAG 2784

Qy        801 ProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAla 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2785 CCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCC 2844

Qy        821 LeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyr 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2845 TTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCTAC 2904

Qy        841 AsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGly 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2905 AACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGA 2964

Qy        861 GlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPhe 880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2965 GGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTC 3024

Qy        881 LeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThr 900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3025 CTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACC 3084

Qy        901 PheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPhe 920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3085 TTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTT 3144

Qy        921 GlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAsp 940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3145 GGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCGAC 3204

Qy        941 SerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLys 960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3205 TCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATAAA 3264

Qy        961 ValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeu 980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3265 GTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCCTC 3324

Qy        981 MetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPhe 1000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3325 ATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGATTC 3384

Qy       1001 GlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerVal 1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3385 CAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTG 3444

Qy       1021 AspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3445 GATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGGAA 3504

Qy       1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHis 1060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3505 CTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCACAC 3564

Qy       1061 ProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSer 1080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3565 CCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCAGT 3624

Qy       1081 SerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAla 1100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3625 AGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTGCC 3684

Qy       1101 ArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSer 1120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3685 CGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGC 3744

Qy       1121 ArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArg 1140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3745 AGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGG 3804

Qy       1141 SerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAsp 1160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3805 TCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGAC 3864

Qy       1161 ArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLys 1180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3865 CGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAG 3924

Qy       1181 SerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGly 1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3925 AGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCGGC 3984

Qy       1201 ArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAla 1220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3985 CGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCC 4044

Qy       1221 ArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsn 1240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4045 CGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAAAT 4104

Qy       1241 LeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArg 1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4105 CTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGA 4164

Qy       1261 GluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCys 1280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4165 GAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGT 4224

Qy       1281 HisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsn 1300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4225 CACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCAAC 4284

Qy       1301 CysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePhe 1320
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4285 TGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCTTC 4344

Qy        1321 LeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysVal 1340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4345 CTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGGTG 4404

Qy        1341 ValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeu 1360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4405 GTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTG 4464

Qy        1361 AspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSer 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4465 GACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACAGC 4524

Qy        1381 GlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeu 1400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4525 GGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCACTC 4584

Qy        1401 ArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeu 1420
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4585 AGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCCTC 4644

Qy        1421 LysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeu 1440
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4645 AAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTCTC 4704

Qy        1441 GlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIle 1460
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4705 GGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATC 4764

Qy        1461 ThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPhe 1480
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4765 ACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACTTT 4824

Qy        1481 AspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpVal 1500
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4825 GACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTT 4884

Qy        1501 AspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHis 1520
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4885 GACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACCAC 4944

Qy        1521 AsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeu 1540
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4945 AACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTG 5004

Qy        1541 AsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGlu 1560
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5005 AACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGGAG 5064

Qy        1561 GluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSer 1580
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5065 GAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAGT 5124

Qy        1581 LysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPhe 1600
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5125 AAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTC 5184

Qy        1601 ArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyVal 1620
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5185 CGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTC 5244

Qy        1621 IleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAsp 1640
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5245 ATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGAC 5304

Qy        1641 GluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPhe 1660
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5305 GAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTC 5364

Qy        1661 LysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeu 1680
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        5365 AAACTTGTGGCCTTTGCGTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTG 5424

Qy        1681 AlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSer 1700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5425 GCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGTCG 5484

Qy        1701 LeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeu 1720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5485 CTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTG 5544

Qy        1721 LysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeu 1740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5545 AAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCCTG 5604

Qy        1741 ProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeu 1760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5605 CCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTG 5664

Qy        1761 GlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGly 1780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5665 GGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGT 5724

Qy        1781 ArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThr 1800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5725 CGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACT 5784

Qy        1801 GlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThr 1820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5785 GGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACCCTTCCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACC 5844

Qy        1821 CysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPhe 1840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5845 TGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTT 5904

Qy        1841 ValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGlu 1860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5905 GTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAG 5964

Qy        1861 AlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerPro 1880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5965 GCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCG 6024

Qy        1881 GlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSer 1900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6025 CAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGT 6084

Qy        1901 ThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGly 1920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6085 ACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGC 6144

Qy        1921 PheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGly 1940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6145 TTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGA 6204

Qy        1941 ProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAsp 1960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6205 CCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGAC 6264

Qy        1961 SerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGly 1980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6265 AGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGG 6324

Qy        1981 LeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSer 2000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6325 CTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGC 6384

Qy        2001 CysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThr 2020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6385 TGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACC 6444

Qy        2021 TrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeu 2040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6445 TGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTC 6504
```

```
Qy       2041 ArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGlu 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6505 AGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAA 6564

Qy       2061 AspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrp 2080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6565 GACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGG 6624

Qy       2081 GlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHis 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6625 GGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCAC 6684

Qy       2101 IleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGlu 2120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6685 ATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAG 6744

Qy       2121 ThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuPro 2140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6745 ACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCC 6804

Qy       2141 SerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThr 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6805 AGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACC 6864

Qy       2161 GlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAla 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6865 CAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCT 6924

Qy       2181 ValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGly 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6925 GTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGG 6984

Qy       2201 GlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIle 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6985 GGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATC 7044

Qy       2221 SerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeu 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7045 TCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTC 7104

Qy       2241 ArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSer 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7105 AGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGC 7164

Qy       2261 ThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAsp 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7165 ACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGAC 7224

Qy       2281 ProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||
Db       7225 CCAACAGACATGGACCCC 7242

RESULT 2
ADS16295
ID   ADS16295 standard; DNA; 6942 BP.
XX
AC   ADS16295;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Rat voltage-dependent T type alpha 1G subunit calcium channel DNA.
XX
KW   Voltage-dependent ion channel; drug candidate;
KW   aberrant electrical activity; muscle contraction; epilepsy; arrhythmia;
KW   anticonvulsant; antiarrhythmic; rat; alpha 1G subunit; ds.
XX
OS   Rattus norvegicus.
XX
PN   US2004175761-A1.
XX
PD   09-SEP-2004.
XX
PF   01-MAR-2003; 2003US-00377139.
XX
PR   01-MAR-2003; 2003US-00377139.
XX
PA   (MACK/) MACKINNON R.
PA   (MACK/) MACKINNON A L.
PA   (JIAN/) JIANG Y.
PA   (RUTA/) RUTA V.
XX
PI   Mackinnon R,  Mackinnon AL,  Jiang Y,  Ruta V;
XX
DR   WPI; 2004-642122/62.
DR   REFSEQ; NM_031601.
XX
PT   Screening drug candidates that target voltage dependent ion channel
PT   protein, involves contacting screening protein with chemical compound,
PT   which is drug candidate and determining whether chemical compound binds
PT   to screening protein.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 7; 61pp; English.
XX
CC   The invention relates to the composition of matter suitable for use in
CC   identifying chemical compounds that bind to voltage-dependent ion channel
CC   proteins. The composition comprises a screening protein that consists of
CC   an ion channel voltage sensor domain of the ion channel protein
CC   immobilised on a solid support. The invention is useful for identifying
CC   chemical compounds (drug candidate) that bind to voltage-dependent ion
CC   channel proteins. The drug candidate of the invention is utilised for
CC   treating a condition mediated by aberrant electrical activity that
CC   initiates uptake or release of neurotransmitters and contraction of
CC   muscles. The drug candidate of the invention is also utilised for
CC   treating epilepsy and arrhythmia. The present sequence is a voltage-
CC   dependent calcium channel DNA.
XX
SQ   Sequence 6942 BP; 1383 A; 2126 C; 1961 G; 1472 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6942
Score:                  11980.00        Matches:       2283
Percent Similarity:     99.78%         Conservative:  0
Best Local Similarity:  99.78%         Mismatches:    3
Query Match:            99.60%         Indels:        2
DB:                     13             Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x ADS16295 (1-6942)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         16 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 75

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 135

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        136 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 195

Qy         61 ProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluA 80
              ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 CCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGG 255

Qy         80 laGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspS 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 CGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACA 315

Qy        100 erArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerM 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTA 375

Qy        120 etLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleA 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 TGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTG 435
```

```
Qy        140 laCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPheP 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 CCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCT 495

Qy        160 heAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrL 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 TTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACC 555

Qy        180 euGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrS 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 TGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATT 615

Qy        200 erLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProL 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGC 675

Qy        220 euArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 TCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCT 735

Qy        240 euProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleV 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCG 795

Qy        260 alGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheS 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 TGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCA 855

Qy        280 erLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerP 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 GCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCC 915

Qy        300 roPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrL 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 CCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACAC 975

Qy        320 euArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 TGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTT 1035

Qy        340 erSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluH 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 CCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGC 1095

Qy        360 isAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIleP 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 ACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCT 1155

Qy        380 heGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisS 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACT 1215

Qy        400 erPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 CCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCA 1275

Qy        420 snLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnL 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 ACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGC 1335

Qy        440 euMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerG 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTG 1395

Qy        460 luProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaA 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 AGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAG 1455

Qy        480 laArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerP 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 CCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCC 1515

Qy        500 roValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgA 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 CAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTC 1575

Qy        520 rgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1576 GTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGG 1635

Qy        540 lyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnG 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1636 GTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATG 1695

Qy        560 lySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProA 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1696 GGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGA 1755

Qy        580 rgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1756 GGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTT 1815

Qy        600 ysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1816 GCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGA 1875

Qy        620 ysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuV 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1876 AGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAG 1935

Qy        640 alGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyP 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1936 TGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGC 1995

Qy        660 roPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerC 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1996 CCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCT 2055

Qy        680 ysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysP 700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2056 GCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTC 2115

Qy        700 roTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspS 720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2116 CCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACT 2175

Qy        720 erAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspP 740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2176 CAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATC 2235

Qy        740 roHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuA 760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2236 CCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGG 2295

Qy        760 laPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyA 780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2296 CTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCC 2355

Qy        780 rgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluG 800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2356 GGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGC 2415

Qy        800 lnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheA 820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2416 AGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCG 2475

Qy        820 laLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProT 840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2476 CCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCT 2535

Qy        840 yrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnG 860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2536 ACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGG 2595

Qy        860 lyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgP 880
```

```
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2596 GAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCT 2655

Qy          880 heLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaT 900
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2656 TCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCA 2715

Qy          900 hrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuP 920
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2716 CCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCT 2775

Qy          920 heGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheA 940
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2776 TTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCG 2835

Qy          940 spSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnL 960
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2836 ACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATA 2895

Qy          960 ysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaL 980
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2896 AAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCC 2955

Qy          980 euMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyP 1000
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2956 TCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGAT 3015

Qy         1000 heGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerV 1020
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3016 TCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTG 3075

Qy         1020 alAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaG 1040
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3076 TGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGG 3135

Qy         1040 luLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerH 1060
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3136 AACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCAC 3195

Qy         1060 isProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrS 1080
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3196 ACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCA 3255

Qy         1080 erSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerA 1100
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3256 GTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTG 3315

Qy         1100 laArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerS 1120
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3316 CCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCA 3375

Qy         1120 erArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgA 1140
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3376 GCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGA 3435

Qy         1140 rgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluA 1160
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3436 GGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGG 3495

Qy         1160 spArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaL 1180
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3496 ACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCA 3555

Qy         1180 ysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerG 1200
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3556 AGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCG 3615

Qy         1200 lyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuA 1220
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3616 GCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGG 3675

Qy         1220 laArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyA 1240
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db         3676 CCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAA 3735

Qy         1240 snLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysA 1260
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3736 ATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCC 3795

Qy         1260 rgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuC 1280
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3796 GAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGT 3855

Qy         1280 ysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuA 1300
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3856 GTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCA 3915

Qy         1300 snCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIleP 1320
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3916 ACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCT 3975

Qy         1320 heLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysV 1340
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3976 TCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGG 4035

Qy         1340 alValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValL 1360
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4036 TGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGC 4095

Qy         1360 euAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspS 1380
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4096 TGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACA 4155

Qy         1380 erGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProL 1400
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4156 GCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCAC 4215

Qy         1400 euArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerL 1420
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4216 TCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCC 4275

Qy         1420 euLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleL 1440
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4276 TCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTC 4335

Qy         1440 euGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnI 1460
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4336 TCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACA 4395

Qy         1460 leThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnP 1480
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4396 TCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACT 4455

Qy         1480 heAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpV 1500
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4456 TTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGG 4515

Qy         1500 alAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnH 1520
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4516 TTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACC 4575

Qy         1520 isAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValL 1540
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4576 ACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCC 4635

Qy         1540 euAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluG 1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4636 TGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGG 4695

Qy         1560 luGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgS 1580
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4696 AGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGA 4755

Qy         1580 erLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgP 1600
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         4756 GTAAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGAT 4815
```

```
Qy       1600 heArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyV 1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4816 TCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTG 4875

Qy       1620 alIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuA 1640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4876 TCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGG 4935

Qy       1640 spGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValP 1660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4936 ACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTT 4995

Qy       1660 heLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspL 1680
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4996 TCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACC 5055

Qy       1680 euAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuS 1700
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5056 TGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGT 5115

Qy       1700 erLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValL 1720
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5116 CGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTC 5175

Qy       1720 euLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaL 1740
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5176 TGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCC 5235

Qy       1740 euProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaL 1760
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5236 TGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTC 5295

Qy       1760 euGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuG 1780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5296 TGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGG 5355

Qy       1780 lyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerT 1800
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5356 GTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCA 5415

Qy       1800 hrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerT 1820
              ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||
Db       5416 CTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCA 5475

Qy       1820 hrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnP 1840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5476 CCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGT 5535

Qy       1840 heValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysG 1860
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5536 TTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAG 5595

Qy       1860 luAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerP 1880
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5596 AGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCC 5655

Qy       1880 roGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnS 1900
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5656 CGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACA 5715

Qy       1900 erThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerG 1920
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5716 GTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGG 5775

Qy       1920 lyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuG 1940
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5776 GCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAG 5835

Qy       1940 lyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnA 1960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5836 GACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATG 5895

Qy       1960 spSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpG 1980
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5896 ACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGG 5955

Qy       1980 lyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrS 2000
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5956 GGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCA 6015

Qy       2000 erCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProT 2020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6016 GCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCA 6075

Qy       2020 hrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProL 2040
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6076 CCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTC 6135

Qy       2040 euArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgG 2060
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6136 TCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGG 6195

Qy       2060 luAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheT 2080
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6196 AAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCT 6255

Qy       2080 rpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysH 2100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6256 GGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGC 6315

Qy       2100 isIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProG 2120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6316 ACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAG 6375

Qy       2120 luThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuP 2140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6376 AGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTC 6435

Qy       2140 roSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluT 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6436 CCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGA 6495

Qy       2160 hrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleA 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6496 CCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTG 6555

Qy       2180 laValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuG 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6556 CTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCG 6615

Qy       2200 lyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerI 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6616 GGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTA 6675

Qy       2220 leSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysL 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6676 TCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCC 6735

Qy       2240 euArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspS 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6736 TCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACA 6795

Qy       2260 erThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerA 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6796 GCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTG 6855

Qy       2280 spProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||||
Db       6856 ACCCAACAGACATGGACCCC 6875

RESULT 3
AAZ52309
ID   AAZ52309 standard; cDNA; 7286 BP.
XX
AC   AAZ52309;
```

```
XX
DT   18-JUL-2000  (first entry)
XX
DE   Rat pancreatic T-type calcium channel cDNA.
XX
KW   Rat; pancreatic T-type calcium channel alpha1 subunit; insulin;
KW   pancreatic beta cell; alpha1G; low voltage activated Ca2+ channel family;
KW   antidiabetic; calcium influx; L type calcium channel; NIDDM;
KW   type II diabetes; non-insulin dependent diabetes mellitus; ss.
XX
OS   Rattus sp.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   misc_feature    1. .157
FT                   /*tag=  b
FT                   /note= "Region upstream to the coding region of
FT                   pancreatic T-type calcium channel protein"
FT   CDS             2. .7285
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "Pancreatic T-type calcium channel alpha1
FT                   subunit"
FT                   /transl_except= (pos:11. .13, aa:Xaa)
FT                   /transl_except= (pos:7022. .7024, aa:Xaa)
FT                   /transl_except= (pos:7112. .7114, aa:Xaa)
FT                   /note= "Xaa corresponds to in-frame stop codon. This
FT                   region includes sequence upstream to the coding region of
FT                   pancreatic T-type calcium channel protein. Does not
FT                   include stop codon"
FT                   /partial
FT   mat_peptide     158. .7285
FT                   /*tag=  c
FT                   /product= "Pancreatic T-type calcium channel alpha1
FT                   subunit"
FT                   /note= "This region is claimed as SEQ ID NO: 1"
XX
PN   WO200015845-A1.
XX
PD   23-MAR-2000.
XX
PF   26-AUG-1999;   99WO-US019675.
XX
PR   26-AUG-1998;   98US-0098004P.
PR   27-JAN-1999;   99US-0117399P.
XX
PA   (SALA-) SOUTH ALABAMA MEDICAL SCI FOUND.
XX
PI   Li M;
XX
DR   WPI; 2000-271475/23.
DR   P-PSDB; AAY70720.
XX
PT   Novel nucleic acids encoding pancreatic T-type calcium channels used for
PT   regulation of T-type calcium channels and treatment of type II diabetes.
XX
PS   Example 1; Page 114-119; 124pp; English.
XX
CC   The present cDNA encodes a protein that includes pancreatic T-type
CC   calcium channel alpha1 subunit derived from rat insulin secreting beta
CC   cell line, INS-1. The protein shows 96.3 % identity to the neuronal T-
CC   type calcium channel alpha1 subunit (alpha1G). The T-type Ca2+ channel
CC   from INS-1 (alpha1G-INS) and neuronal alpha1G are alternative splice
CC   isoforms of the same gene. The INS-1 isoform is also expressed in brain,
CC   neonatal heart and kidney besides pancreatic beta cells. T-type Ca2+
CC   channel belongs to the family of low voltage activated Ca2+ channels. The
CC   present sequence is used for treating diseases associated with abnormal
CC   expression or function of T-type calcium channels. They are especially
CC   used for treating type II diabetes. Modulators of pancreatic T-type Ca2+
CC   channel e.g. antisense oligonucleotides, ribozymes and inhibitors are
CC   used in methods for modifying insulin secretion by pancreatic beta cells,
CC   basal calcium levels, potential L type calcium channel activity,
CC   pancreatic cell death, pancreatic beta cell proliferation and calcium
CC   influx through L type calcium channels in cells
XX
```

```
SQ   Sequence 7286 BP; 1467 A; 2224 C; 2064 G; 1531 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         7286
Score:                  11829.00         Matches:        2270
Percent Similarity:     97.72%          Conservative:   1
Best Local Similarity:  97.68%          Mismatches:     15
Query Match:            98.35%          Indels:         38
DB:                     3               Gaps:           2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAZ52309 (1-7286)

Qy           1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
               ||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          58 ATGCTCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTC 117

Qy          20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         118 GCCCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGG 177

Qy          40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         178 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGG 237

Qy          60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
               ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         238 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 297

Qy          79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         298 GGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 357

Qy          99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         358 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 417

Qy         119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         418 TATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 477

Qy         139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         478 TGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTT 537

Qy         159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         538 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTA 597

Qy         179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         598 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTA 657

Qy         199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         658 TTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 717

Qy         219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         718 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACAC 777

Qy         239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         778 CTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 837

Qy         259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         838 CGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGATGCTTCCTCCCCGAGAACTT 897

Qy         279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         898 CAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 957

Qy         299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      958 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCAC 1017

Qy      319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1018 ACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAG 1077

Qy      339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1078 TTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGA 1137

Qy      359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1138 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1197

Qy      379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1198 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCA 1257

Qy      399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1258 CTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGAT 1317

Qy      419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1318 CAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCA 1377

Qy      439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1378 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1437

Qy      459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1438 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGC 1497

Qy      479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1498 AGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAG 1557

Qy      499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1558 CCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCG 1617

Qy      519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1618 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1677

Qy      539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1678 GGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1737

Qy      559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1738 TGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 1797

Qy      579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1798 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 1857

Qy      599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1858 TTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGG 1917

Qy      619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1918 GAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACT 1977

Qy      639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1978 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGG 2037

Qy      659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2038 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2097

Qy      679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2098 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTG 2157

Qy      699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2158 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGA 2217

Qy      719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2218 CTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGA 2277

Qy      739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2278 TCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2337

Qy      759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2338 GGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2397

Qy      779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2398 CCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2457

Qy      799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2458 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2517

Qy      819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2518 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCC 2577

Qy      839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2578 CTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2637

Qy      859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2638 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCG 2697

Qy      879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2698 CTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2757

Qy      899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2758 CACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCT 2817

Qy      919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2818 CTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 2877

Qy      939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2878 CGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 2937

Qy      959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2938 TAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 2997

Qy      979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2998 CCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGG 3057

Qy      999 yPheGlnAlaGlu----------------------------------------------- 1003
            |||||||||||||
Db     3058 ATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCA 3117

Qy     1004 ---------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePh 1016
                                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3118 GCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTT 3177
```

```
Qy       1016 eSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGl 1036
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3178 TTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGG 3237

Qy       1036 yGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaTh 1056
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3238 AGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGAC 3297

Qy       1056 rProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySe 1076
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3298 ACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTC 3357

Qy       1076 rArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCy 1096
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3358 TCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATC 3417

Qy       1096 sProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSe 1116
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3418 TCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAG 3477

Qy       1116 rArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSe 1136
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3478 CAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAG 3537

Qy       1136 rGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSe 1156
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3538 CGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAG 3597

Qy       1156 rSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGl 1176
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3598 TTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGA 3657

Qy       1176 uArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisAr 1196
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3658 ACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCG 3717

Qy       1196 gThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSe 1216
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3718 CACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTC 3777

Qy       1216 rGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAs 1236
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3778 AGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAA 3837

Qy       1236 nAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPr 1256
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3838 TGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCC 3897

Qy       1256 oAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPh 1276
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3898 TGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTT 3957

Qy       1276 eArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIl 1296
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3958 TCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCAT 4017

Qy       1296 eIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAl 1316
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4018 CATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGC 4077

Qy       1316 aGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMe 1336
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4078 TGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAAT 4137

Qy       1336 tThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSe 1356
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4138 GACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAG 4197

Qy       1356 rTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMe 1376
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4198 CTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCAT 4257
```

```
Qy       1376 tValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgTh 1396
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4258 GGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGAC 4317

Qy       1396 rLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLe 1416
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4318 CCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCT 4377

Qy       1416 uMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIl 1436
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4378 GATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCAT 4437

Qy       1436 ePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAs 1456
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4438 TTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGA 4497

Qy       1456 pThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHi 1476
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4498 CACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCA 4557

Qy       1476 sLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLy 1496
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4558 CAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAA 4617

Qy       1496 sAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPr 1516
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4618 GGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCC 4677

Qy       1516 oIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAl 1536
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4678 CATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGC 4737

Qy       1536 aPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGl 1556
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4738 CTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACA 4797

Qy       1556 nHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLy 1576
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4798 GCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAA 4857

Qy       1576 sLysArgArg---------------------------------SerLysGluLysGlnMe 1585
              ||||||||||                                 |||
Db       4858 AAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGC 4917

Qy       1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHi 1605
               :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4918 GTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCA 4977

Qy       1605 sHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVa 1625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4978 CCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGT 5037

Qy       1625 lValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIl 1645
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5038 GGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGAT 5097

Qy       1645 eCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPh 1665
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5098 CTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTT 5157

Qy       1665 eAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLe 1685
              |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5158 TGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCT 5217

Qy       1685 uSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnPr 1705
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||
Db       5218 GTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATGCTTCGCTGCCCATCAACCC 5277

Qy       1705 oThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMe 1725
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5278 CACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGAT 5337

Qy       1725 tAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAs 1745
```

```
                   |||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5338 GGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAA 5397

Qy        1745 nLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPh 1765
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5398 CCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTT 5457

Qy        1765 eGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPh 1785
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5458 TGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTT 5517

Qy        1785 eArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAs 1805
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5518 TAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAA 5577

Qy        1805 nGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVa 1825
               ||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5578 TGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGT 5637

Qy        1825 lIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnVa 1845
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5638 CATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGT 5697

Qy        1845 lValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAl 1865
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5698 GGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGC 5757

Qy        1865 aGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5758 CGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCC 5817

Qy        1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLy 1905
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db        5818 GCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTCCTGACAGCCCTAA 5877

Qy        1905 sProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHi 1925
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5878 GCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCA 5937

Qy        1925 sProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuTh 1945
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5938 CCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGAC 5997

Qy        1945 rValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysAr 1965
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5998 TGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCG 6057

Qy        1965 gAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGl 1985
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6058 CAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCA 6117

Qy        1985 nSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLe 2005
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6118 GTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCT 6177

Qy        2005 uProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePr 2025
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6178 TCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCCCCACCTGGGGCGCCATCCC 6237

Qy        2025 oLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAl 2045
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6238 TAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGC 6297

Qy        2045 aIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGl 2065
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6298 AATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGA 6357

Qy        2065 uValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIl 2085
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6358 GGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCAT 6417

Qy        2085 eGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAl 2105
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6418 CCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGC 6477

Qy        2105 aProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLe 2125
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6478 CCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTT 6537

Qy        2125 uGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGl 2145
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6538 AGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGA 6597

Qy        2145 uProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgAr 2165
               |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6598 ACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCG 6657

Qy        2165 gArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAs 2185
               ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6658 CAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGA 6717

Qy        2185 pSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGl 2205
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6718 CAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGG 6777

Qy        2205 yGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProPr 2225
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6778 GGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCC 6837

Qy        2225 oGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaPr 2245
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6838 GGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCC 6897

Qy        2245 oAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerPr 2265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6898 GGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACC 6957

Qy        2265 oSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAs 2285
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6958 CTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGA 7017

Qy        2285 pPro 2286
               ||||
Db        7018 CCCC 7021

RESULT 4
AAX83485
ID   AAX83485 standard; cDNA; 6762 BP.
XX
AC   AAX83485;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Rat T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (rCavT1a) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Rattus sp.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14590.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
```

```
XX
PS   Disclosure; Page 67-76; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a rat T-type voltage-gated
CC   calcium (Ca) channel alpha-1-G designated rCavT1a. Voltage gated channels
CC   are membrane bound glycosylated proteins formed of several subunits. The
CC   large alpha subunits form a pore in the membrane that is selective for a
CC   given ionic species. Each alpha subunit contains 4 domains (I, II, III
CC   and IV) and each domain contains 6 putative transmembrane helical
CC   segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated at a lower voltage
CC   than L- or N-type channels. Characteristics of T-type channels include
CC   short current time, slow activation kinetics near threshold, fast
CC   inactivation kinetics and slow tail current. The sequences AAX83481-
CC   X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel genes from humans
CC   and rats. Each of the novel Ca-channels contains a putative IVS4 region
CC   comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells expressing the T-type
CC   voltage-gated calcium channel proteins can be used to screen for drugs
CC   which affect calcium channels. Methods are also disclosed for treating a
CC   disease or disorder associated with a deficiency in a native T-type
CC   calcium channel nucleic acid, e.g. to treat cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6762 BP; 1362 A; 2044 C; 1917 G; 1439 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:        6762
Score:                    11798.00        Matches:       2250
Percent Similarity:       99.78%         Conservative:  0
Best Local Similarity:    99.78%         Mismatches:    3
Query Match:              98.09%         Indels:        2
DB:                       2              Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83485 (1-6762)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
               |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db          62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541

Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy        653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy        673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy        693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy        713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy        733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy        753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy        773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy        793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy        813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy        833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461

Qy        853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy        873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy        893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy        913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy        933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGC 2941

Qy       1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 CTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGG 3001

Qy       1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 TGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATA 3061

Qy       1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 CGGCTGCGACACCAATGTCACACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGG 3121

Qy       1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATG 3181

Qy       1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 AGATGAAATGTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCA 3241

Qy       1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGA 3301

Qy       1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 GGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATG 3361

Qy       1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3421

Qy       1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 GTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGG 3481

Qy       1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 GGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCA 3541

Qy       1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 AGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGG 3601

Qy       1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 ATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGAT 3661

Qy       1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 CCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTC 3721

Qy       1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 AGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGG 3781

Qy       1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 TCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3841

Qy       1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3842 CCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTC 3901
```

```
Qy       1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3902 TAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACC 3961

Qy       1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3962 TGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCC 4021

Qy       1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4022 TGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4081

Qy       1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4082 TGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGG 4141

Qy       1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4142 TAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCT 4201

Qy       1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4202 TCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTC 4261

Qy       1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4262 AGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGAT 4321

Qy       1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4322 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGC 4381

Qy       1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4382 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGG 4441

Qy       1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4442 ATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCC 4501

Qy       1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4502 TCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATA 4561

Qy       1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4562 AGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGA 4621

Qy       1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProT 1593
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4622 GGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCT 4681

Qy       1593 yrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrL 1613
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4682 ACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACC 4741

Qy       1613 euAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisT 1633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4742 TGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATT 4801

Qy       1633 yrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValI 1653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4802 ACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCA 4861

Qy       1653 lePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnA 1673
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       4862 TCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGG 4921

Qy       1673 spArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuG 1693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4922 ACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGG 4981

Qy       1693 luGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4982 AGGAGATTGAGGTCAATCTGTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGG 5041

Qy       1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5042 TGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGC 5101

Qy       1733 euHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuL 1753
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5102 TGCACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTAT 5161

Qy       1753 euPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluT 1773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5162 TGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGA 5221

Qy       1773 hrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheL 1793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5222 CACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTC 5281

Qy       1793 euThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerA 1813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |
Db       5282 TGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCC 5341

Qy       1813 rgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValS 1833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5342 GGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGT 5401

Qy       1833 erPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysH 1853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5402 CCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGC 5461

Qy       1853 isLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluL 1873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5462 ACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGC 5521

Qy       1873 euGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpP 1893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5522 TGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGC 5581

Qy       1893 roGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrA 1913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5582 CCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTG 5641

Qy       1913 laHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProG 1933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5642 CCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCG 5701

Qy       1933 luGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerA 1953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5702 AGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCC 5761

Qy       1953 rgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgS 1973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5762 GGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGAT 5821

Qy       1973 erLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValH 1993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5822 CCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTC 5881

Qy       1993 isSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuL 2013
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5882 ACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGC 5941

Qy       2013 euGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgS 2033
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5942 TCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCT 6001

Qy       2033 erProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspV 2053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6002 CCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATG 6061

Qy       2053 alGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProL 2073
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6062 TGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTC 6121

Qy        2073 euThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyI 2093
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6122 TGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCA 6181

Qy        2093 leGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProS 2113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6182 TCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCA 6241

Qy        2113 erTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerT 2133
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6242 GCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCT 6301

Qy        2133 rpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuL 2153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6302 GGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGA 6361

Qy        2153 ysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspG 2173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6362 AGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATG 6421

Qy        2173 luGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuC 2193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6422 AACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTAT 6481

Qy        2193 ysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysL 2213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6482 GTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGA 6541

Qy        2213 ysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProP 2233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6542 AAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCC 6601

Qy        2233 roCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProS 2253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6602 CATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCT 6661

Qy        2253 erValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuS 2273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6662 CGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGA 6721

Qy        2273 erLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6722 GTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGACCCC 6762

RESULT 5
AAX83487
ID   AAX83487 standard; cDNA; 6816 BP.
XX
AC   AAX83487;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Rat T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (rCavT1c) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Rattus sp.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
```

```
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14592.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 85-94; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a rat T-type voltage-gated
CC   calcium (Ca) channel alpha-1-G designated rCavT1c. Voltage gated channels
CC   are membrane bound glycosylated proteins formed of several subunits. The
CC   large alpha subunits form a pore in the membrane that is selective for a
CC   given ionic species. Each alpha subunit contains 4 domains (I, II, III
CC   and IV) and each domain contains 6 putative transmembrane helical
CC   segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated at a lower voltage
CC   than L- or N-type channels. Characteristics of T-type channels include
CC   short current time, slow activation kinetics near threshold, fast
CC   inactivation kinetics and slow tail current. The sequences AAX83481-
CC   X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel genes from humans
CC   and rats. Each of the novel Ca-channels contains a putative IVS4 region
CC   comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells expressing the T-type
CC   voltage-gated calcium channel proteins can be used to screen for drugs
CC   which affect calcium channels. Methods are also disclosed for treating a
CC   disease or disorder associated with a deficiency in a native T-type
CC   calcium channel nucleic acid, e.g. to treat cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6816 BP; 1373 A; 2058 C; 1932 G; 1453 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:        6816
Score:                    11767.00        Matches:       2248
Percent Similarity:       98.90%         Conservative:  0
Best Local Similarity:    98.90%         Mismatches:    5
Query Match:              97.83%         Indels:        20
DB:                       2              Gaps:          1

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83487 (1-6816)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
               |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db          62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541
```

```
Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GTACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGAACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621
```

```
Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy         613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy         633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy         653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy         673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy         693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy         713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy         733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy         753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy         773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy         793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy         813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy         833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461

Qy         853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy         873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy         893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy         913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy         933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
```

```
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy     953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy     973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy     993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGC 2941

Qy    1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2942 CTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGG 3001

Qy    1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3002 TGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATA 3061

Qy    1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3062 CGGCTGCGACACCAATGTCACACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGG 3121

Qy    1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3122 GCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATG 3181

Qy    1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3182 AGATGAAATGTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCA 3241

Qy    1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3242 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGA 3301

Qy    1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3302 GGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATG 3361

Qy    1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3362 AGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3421

Qy    1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3422 GTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGG 3481

Qy    1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3482 GGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCA 3541

Qy    1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3542 AGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGG 3601

Qy    1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    |||||||||||||||
Db    3602 ATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCAGACAAGCCTGGGTCAGAT 3661

Qy    1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3662 CCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTC 3721

Qy    1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3722 AGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGG 3781

Qy    1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3782 TCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3841

Qy    1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3842 CCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTC 3901

Qy    1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3902 TAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACC 3961

Qy    1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3962 TGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCC 4021

Qy    1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4022 TGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4081

Qy    1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4082 TGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGG 4141

Qy    1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4142 TAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCT 4201

Qy    1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4202 TCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTC 4261

Qy    1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4262 AGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGAT 4321

Qy    1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4322 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGC 4381

Qy    1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4382 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGG 4441

Qy    1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4442 ATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCC 4501

Qy    1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4502 TCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATA 4561

Qy    1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4562 AGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGA 4621

Qy    1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAla------------------- 1586
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4622 GGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCCGATCTAATGTTGGACGATG 4681

Qy    1587 -----------------------------------GluAlaGlnCysLysProTyrTyrS 1595
                                              |||||||||||||||||||||||||
Db    4682 TAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACT 4741

Qy    1595 erAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspL 1615
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4742 CTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACC 4801

Qy    1615 euPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnG 1635
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4802 TCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGC 4861

Qy    1635 lnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheV 1655
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4862 AGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTG 4921
```

```
Qy       1655 alPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgT 1675
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db       4922 TCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGT 4981

Qy       1675 rpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluI 1695
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4982 GGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGA 5041

Qy       1695 leGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuA 1715
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5042 TTGAGGTCAATCTGTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCC 5101

Qy       1715 rgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisT 1735
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5102 GCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACA 5161

Qy       1735 hrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPheP 1755
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5162 CGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTT 5221

Qy       1755 heIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisP 1775
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5222 TCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACC 5281

Qy       1775 roCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrL 1795
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5282 CTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCC 5341

Qy       1795 euPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspC 1815
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||
Db       5342 TCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACT 5401

Qy       1815 ysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheV 1835
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5402 GTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCG 5461

Qy       1835 alLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuG 1855
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5462 TGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGG 5521

Qy       1855 luGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluM 1875
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5522 AAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGA 5581

Qy       1875 etLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyV 1895
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5582 TGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGG 5641

Qy       1895 alGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisI 1915
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5642 TGGAGGGTGTCAACAGTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACA 5701

Qy       1915 leGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluV 1935
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5702 TTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGG 5761

Qy       1935 alProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrH 1955
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5762 TGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGC 5821

Qy       1955 isSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuG 1975
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5822 ACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAG 5881

Qy       1975 lyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerG 1995
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5882 GACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCC 5941

Qy       1995 lnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnP 2015
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5942 AACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGC 6001

Qy       2015 roHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProL 2035
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6002 CTCATGGGGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTC 6061

Qy       2035 euAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnG 2055
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6062 TGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGG 6121

Qy       2055 lyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrA 2075
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6122 GCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCC 6181

Qy       2075 rgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnS 2095
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6182 GGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGA 6241

Qy       2095 erLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpA 2115
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6242 GCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGG 6301

Qy       2115 laLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleS 2135
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6302 CCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTT 6361

Qy       2135 erGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysC 2155
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6362 CAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAACT 6421

Qy       2155 ysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnA 2175
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6422 GCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGC 6481

Qy       2175 rgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProS 2195
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6482 GGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAA 6541

Qy       2195 erProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysL 2215
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6542 GCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAAC 6601

Qy       2215 euSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysS 2235
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6602 TCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCA 6661

Qy       2235 erProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValS 2255
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6662 GTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCT 6721

Qy       2255 erSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuS 2275
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6722 CCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCT 6781

Qy       2275 erGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6782 CTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGACCCC 6816

RESULT 6
AAX83486
ID   AAX83486 standard; cDNA; 6795 BP.
XX
AC   AAX83486;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Rat T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (rCavT1b) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Rattus sp.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
```

```
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14591.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 76-85; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a rat T-type voltage-gated
CC   calcium (Ca) channel alpha-1-G designated rCavT1b. Voltage gated channels
CC   are membrane bound glycosylated proteins formed of several subunits. The
CC   large alpha subunits form a pore in the membrane that is selective for a
CC   given ionic species. Each alpha subunit contains 4 domains (I, II, III
CC   and IV) and each domain contains 6 putative transmembrane helical
CC   segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated at a lower voltage
CC   than L- or N-type channels. Characteristics of T-type channels include
CC   short current time, slow activation kinetics near threshold, fast
CC   inactivation kinetics and slow tail current. The sequences AAX83481-
CC   X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel genes from humans
CC   and rats. Each of the novel Ca-channels contains a putative IVS4 region
CC   comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells expressing the T-type
CC   voltage-gated calcium channel proteins can be used to screen for drugs
CC   which affect calcium channels. Methods are also disclosed for treating a
CC   disease or disorder associated with a deficiency in a native T-type
CC   calcium channel nucleic acid, e.g. to treat cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6795 BP; 1366 A; 2055 C; 1923 G; 1451 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         6795
Score:                  11751.50        Matches:        2244
Percent Similarity:     99.07%         Conservative:   1
Best Local Similarity:  99.03%         Mismatches:     8
Query Match:            97.70%         Indels:         13
DB:                     2              Gaps:           1

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83486 (1-6795)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
              |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db         62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGT 721

Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501
```

```
Qy        533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy        553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621

Qy        573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy        593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy        653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy        673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy        693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy        713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy        733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy        753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy        773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy        793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy        813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy        833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461

Qy        853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy        873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy        893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy        913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy        933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGC 2941

Qy       1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 CTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGG 3001

Qy       1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 TGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATA 3061

Qy       1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 CGGCTGCGACACCAATGTCACACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGG 3121

Qy       1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATG 3181

Qy       1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 AGATGAAATGTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCA 3241

Qy       1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGA 3301

Qy       1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 GGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATG 3361

Qy       1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3421

Qy       1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 GTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGG 3481

Qy       1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 GGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCA 3541

Qy       1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 AGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGG 3601

Qy       1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 ATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGAT 3661

Qy       1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3662 CCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTC 3721

Qy      1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3722 AGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGG 3781

Qy      1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3782 TCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3841

Qy      1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3842 CCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTC 3901

Qy      1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3902 TAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACC 3961

Qy      1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3962 TGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCC 4021

Qy      1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4022 TGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4081

Qy      1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4082 TGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGG 4141

Qy      1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4142 TAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCT 4201

Qy      1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4202 TCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTC 4261

Qy      1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4262 AGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGAT 4321

Qy      1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4322 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGC 4381

Qy      1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4382 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGG 4441

Qy      1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4442 ATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCC 4501

Qy      1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4502 TCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATA 4561

Qy      1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4562 AGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGA 4621

Qy      1573 rgLeuGluLysLysArgArg---------------------------------SerLysG 1582
             ||||||||||||||||||||                                 |||
Db      4622 GGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAG 4681

Qy      1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
                        :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4682 CCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGC 4741

Qy      1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4742 TCCTTGTCCACCACÇTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCG 4801

Qy      1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4802 GGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGG 4861

Qy      1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4862 CTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAAC 4921

Qy      1662 euValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaI 1682
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4922 TTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTA 4981

Qy      1682 leValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuP 1702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4982 TTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGTCGCTGC 5041

Qy      1702 roIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysL 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5042 CCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGC 5101

Qy      1722 euLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProG 1742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5102 TGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCC 5161

Qy      1742 lnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyV 1762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5162 AGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCG 5221

Qy      1762 alGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgH 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5222 TGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGC 5281

Qy      1782 isAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyA 1802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5282 ATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTG 5341

Qy      1802 spAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysT 1822
             ||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db      5342 ACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCT 5401

Qy      1822 yrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValL 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5402 ACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGC 5461

Qy      1842 euValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaL 1862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5462 TGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCA 5521

Qy      1862 ysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnP 1882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5522 AGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGC 5581

Qy      1882 roHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrA 1902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5582 CCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTACTG 5641

Qy      1902 spSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheS 1922
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5642 ACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCT 5701

Qy      1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5702 CCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAG 5761

Qy      1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5762 ACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCT 5821

Qy      1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5822 ACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCC 5881
```

```
Qy         1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5882 CCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCA 5941

Qy         2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5942 TCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTGGG 6001

Qy         2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6002 GCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGC 6061

Qy         2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6062 GCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACC 6121

Qy         2062 euLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyG 2082
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6122 TGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCG 6181

Qy         2082 lySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleA 2102
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6182 GGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCC 6241

Qy         2102 rgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrA 2122
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6242 GCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCA 6301

Qy         2122 rgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerS 2142
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6302 GAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCA 6361

Qy         2142 erGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnS 2162
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6362 GCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGA 6421

Qy         2162 erCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValS 2182
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6422 GCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCA 6481

Qy         2182 erCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyG 2202
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6482 GCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCC 6541

Qy         2202 lnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerI 2222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6542 AACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTA 6601

Qy         2222 leAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgA 2242
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6602 TAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGA 6661

Qy         2242 rgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrA 2262
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6662 GGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGG 6721

Qy         2262 laAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProT 2282
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6722 CTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAA 6781

Qy         2282 hrAspMetAspPro 2286
                ||||||||||||||
Db         6782 CAGACATGGACCCC 6795

RESULT 7
AAX83488
ID   AAX83488 standard; cDNA; 6741 BP.
XX
AC   AAX83488;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Rat T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (rCavT1d) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Rattus sp.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14593.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 94-103; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a rat T-type voltage-gated
CC   calcium (Ca) channel alpha-1-G designated rCavT1d. Voltage gated channels
CC   are membrane bound glycosylated proteins formed of several subunits. The
CC   large alpha subunits form a pore in the membrane that is selective for a
CC   given ionic species. Each alpha subunit contains 4 domains (I, II, III
CC   and IV) and each domain contains 6 putative transmembrane helical
CC   segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated at a lower voltage
CC   than L- or N-type channels. Characteristics of T-type channels include
CC   short current time, slow activation kinetics near threshold, fast
CC   inactivation kinetics and slow tail current. The sequences AAX83481-
CC   X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel genes from humans
CC   and rats. Each of the novel Ca-channels contains a putative IVS4 region
CC   comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells expressing the T-type
CC   voltage-gated calcium channel proteins can be used to screen for drugs
CC   which affect calcium channels. Methods are also disclosed for treating a
CC   disease or disorder associated with a deficiency in a native T-type
CC   calcium channel nucleic acid, e.g. to treat cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6741 BP; 1355 A; 2041 C; 1908 G; 1437 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6741
Score:                  11747.50        Matches:       2242
Percent Similarity:     99.47%         Conservative:  1
Best Local Similarity:  99.42%         Mismatches:    3
Query Match:            97.67%         Indels:        9
DB:                     2              Gaps:          1

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83488 (1-6741)

Qy           34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy           54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db           62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy           73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy           93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy          113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy       133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy       153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy       173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy       193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541

Qy       213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy       233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy       253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGT 721

Qy       273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy       293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy       313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy       333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy       353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy       373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy       393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy       413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy       433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy       453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1262 GCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy       473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy       493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy       513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501

Qy       533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy       553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621

Qy       573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy       593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy       613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy       633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy       653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy       673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy       693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy       713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy       733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy       753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy       773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy       793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy       813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy       833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461
```

```
Qy        853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy        873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy        893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy        913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy        933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGC 2941

Qy       1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2942 CTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGG 3001

Qy       1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3002 TGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATA 3061

Qy       1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3062 CGGCTGCGACACCAATGTCACACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGG 3121

Qy       1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3122 GCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATG 3181

Qy       1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3182 AGATGAAATGTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCA 3241

Qy       1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3242 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGA 3301

Qy       1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3302 GGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATG 3361

Qy       1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3362 AGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3421

Qy       1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3422 GTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGG 3481

Qy       1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3482 GGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCA 3541
```

```
Qy       1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3542 AGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGG 3601

Qy       1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3602 ATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGAT 3661

Qy       1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3662 CCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTC 3721

Qy       1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3722 AGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGG 3781

Qy       1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3782 TCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3841

Qy       1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3842 CCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTC 3901

Qy       1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3902 TAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACC 3961

Qy       1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3962 TGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCC 4021

Qy       1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4022 TGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4081

Qy       1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4082 TGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGG 4141

Qy       1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4142 TAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCT 4201

Qy       1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4202 TCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTC 4261

Qy       1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4262 AGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGAT 4321

Qy       1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4322 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGC 4381

Qy       1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4382 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGG 4441

Qy       1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4442 ATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCC 4501

Qy       1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4502 TCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATA 4561

Qy       1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4562 AGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGA 4621

Qy       1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProT 1593
```

```
               ||||||||||||||||||||                     :::||||||||||||||||
Db        4622 GGCTGGAGAAAAAGAGAAGG---------------------AAAGCCCAGTGCAAGCCCT 4660

Qy        1593 yrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrL 1613
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4661 ACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACC 4720

Qy        1613 euAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisT 1633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4721 TGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATT 4780

Qy        1633 yrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValI 1653
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4781 ACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCA 4840

Qy        1653 lePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnA 1673
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        4841 TCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGG 4900

Qy        1673 spArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuG 1693
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4901 ACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGG 4960

Qy        1693 luGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4961 AGGAGATTGAGGTCAATCTGTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGG 5020

Qy        1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5021 TGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGC 5080

Qy        1733 euHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuL 1753
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5081 TGCACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTAT 5140

Qy        1753 euPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluT 1773
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5141 TGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGA 5200

Qy        1773 hrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheL 1793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5201 CACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTC 5260

Qy        1793 euThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerA 1813
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |
Db        5261 TGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCC 5320

Qy        1813 rgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValS 1833
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5321 GGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGT 5380

Qy        1833 erPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysH 1853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5381 CCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGC 5440

Qy        1853 isLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluL 1873
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5441 ACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGC 5500

Qy        1873 euGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpP 1893
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5501 TGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGC 5560

Qy        1893 roGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrA 1913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5561 CCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTG 5620

Qy        1913 laHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProG 1933
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5621 CCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCG 5680

Qy        1933 luGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerA 1953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5681 AGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCC 5740

Qy        1953 rgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgS 1973
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5741 GGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGAT 5800

Qy        1973 erLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValH 1993
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5801 CCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTC 5860

Qy        1993 isSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuL 2013
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5861 ACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGC 5920

Qy        2013 euGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgS 2033
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5921 TCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCT 5980

Qy        2033 erProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspV 2053
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5981 CCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATG 6040

Qy        2053 alGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProL 2073
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6041 TGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTC 6100

Qy        2073 euThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyI 2093
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6101 TGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCA 6160

Qy        2093 leGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProS 2113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6161 TCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCA 6220

Qy        2113 erTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerT 2133
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6221 GCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCT 6280

Qy        2133 rpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuL 2153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6281 GGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGA 6340

Qy        2153 ysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspG 2173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6341 AGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATG 6400

Qy        2173 luGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuC 2193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6401 AACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTAT 6460

Qy        2193 ysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysL 2213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6461 GTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGA 6520

Qy        2213 ysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProP 2233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6521 AAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCC 6580

Qy        2233 roCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProS 2253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6581 CATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCT 6640

Qy        2253 erValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuS 2273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6641 CGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGA 6700

Qy        2273 erLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6701 GTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGACCCC 6741

RESULT 8
AAD04756
ID   AAD04756 standard; cDNA; 7741 BP.
```

```
XX
AC   AAD04756;
XX
DT   17-JUL-2001  (first entry)
XX
DE   Human T-type low voltage activated calcium channel alpha1G-c cDNA.
XX
KW   Human T-type low voltage activated calcium channel alpha1G-c; stress;
KW   epilepsy; schizophrenia; depression; sleep disorder; Cushing's disease;
KW   endocrine disorder; respiratory disorder; peripheral muscle disorder;
KW   muscle excitability; fertilisation; contraception; hypertension;
KW   neuronal firing regulation; cardiovascular disorder; gene therapy;
KW   forensic analysis; epidemiological study; neuroleptic; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   5'UTR           1. .522
FT                   /*tag=  a
FT   CDS             523. .7344
FT                   /*tag=  b
FT                   /product= "Human T-type low voltage activated calcium
FT                   channel alpha1G-c protein"
FT                   /transl_except= (pos:3934. .3936, aa:Gln)
FT                   /transl_except= (pos:3946. .3948, aa:Gln)
FT                   /transl_except= (pos:5560. .5562, aa:Pro)
FT                   /transl_except= (pos:5569. .5571, aa:Gln)
FT                   /note= "The CDS is specifically claimed in claim 2 as SEQ
FT                   ID NO:3"
FT   3'UTR           7345. .7741
FT                   /*tag=  c
XX
PN   WO200130844-A1.
XX
PD   03-MAY-2001.
XX
PF   06-OCT-2000; 2000WO-US027761.
XX
PR   26-OCT-1999;   99US-00426998.
XX
PA   (ORTH ) ORTHO-MCNEIL PHARM INC.
XX
PI   Dubin AE,  Galindo JE,  Pyati J,  Zhu JY,  Erlander MG;
XX
DR   WPI; 2001-300486/31.
DR   P-PSDB; AAE01019.
XX
PT   New nucleic acid encoding human calcium channel protein, useful for
PT   identifying specific modulators and potential pharmaceuticals for
PT   treating e.g. epilepsy.
XX
PS   Claim 2; Page 76-81; 115pp; English.
XX
CC   The invention relates to isoform of human T-type low voltage activated
CC   calcium channel (alpha1G-c) cDNA and protein. Cells transformed with
CC   calcium channel DNA to express calcium alpha1G-c channel protein are used
CC   to identify specific modulators (antagonists or agonists). These
CC   modulators are useful as therapeutic agents and are used for treating
CC   wide range of calcium alpha1G-c channel-mediated disorders, e.g. stress
CC   epilepsy, schizophrenia, depression, sleep disorders, Cushing's disease,
CC   endocrine disorders, respiratory disorder, peripheral muscle disorder,
CC   muscle excitability, fertilisation, contraception, disorders involving
CC   hypertension, neuronal firing regulation, potentiation of synaptic
CC   signals and cardiovascular disorders (e.g. atherosclerosis, cardiac
CC   hypertrophy, angina pectoris). Calcium alpha1G-c channel DNA is useful
CC   for isolating and identifying related molecule mutations. It is also
CC   optionally used as antisense sequences, in gene therapy. Calcium channel
CC   alpha1G-c DNA, protein and antibodies are useful for forensic analysis,
CC   diagnosis and epidemiological studies, by standard hybridisation or
CC   immunological assays. The present sequence is T-type low voltage
CC   activated calcium channel alpha1G-c cDNA. This sequence is isolated from
CC   human thalamus cDNA library
XX
```

```
SQ   Sequence 7741 BP; 1469 A; 2496 C; 2287 G; 1489 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         7741
Score:                  11066.50        Matches:        2134
Percent Similarity:     93.81%         Conservative:   33
Best Local Similarity:  92.38%         Mismatches:     112
Query Match:            92.01%         Indels:         31
DB:                     4              Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAD04756 (1-7741)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db        431 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 490

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                 |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        491 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 550

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        551 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 610

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        611 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 670

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        671 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 730

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        731 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 790

Qy        122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        791 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 850

Qy        142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        851 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 910

Qy        162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        911 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 970

Qy        182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        971 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 1030

Qy        202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1031 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 1090

Qy        222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1091 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1150

Qy        242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1151 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1210

Qy        262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1211 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1270

Qy        282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1271 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1330

Qy        302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1331 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1390

Qy        322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
              ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1391 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1450

Qy        342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1451 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1510

Qy        362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1511 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1570

Qy        382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1571 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1630

Qy        402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1631 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1690

Qy        422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1691 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1750

Qy        442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1751 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1810

Qy        462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1811 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1870

Qy        482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db       1871 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1930

Qy        502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                      |||||||||   |||||||||   |||||:::||||||||||||||||||||
Db       1931 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1990

Qy        522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1991 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 2050

Qy        542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
              |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2051 GGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 2110

Qy        562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
              ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db       2111 GCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCG 2170

Qy        582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2171 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2230

Qy        602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
              ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2231 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2290

Qy        622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db       2291 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2350

Qy        642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
              |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db       2351 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2410

Qy        662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
```

```
Db       2411 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2470

Qy        682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
              ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2471 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2530

Qy        702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
              ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db       2531 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2590

Qy        722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2591 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2650

Qy        742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2651 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2707

Qy        762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2708 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2767

Qy        782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2768 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2827

Qy        802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2828 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2887

Qy        822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2888 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2947

Qy        842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2948 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 3007

Qy        862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3008 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 3067

Qy        882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3068 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 3127

Qy        902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3128 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3187

Qy        922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3188 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3247

Qy        942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3248 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3307

Qy        962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3308 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3367

Qy        982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3368 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3427

Qy       1002 laGlu------------------------------------------------------- 1003
              |||||
Db       3428 CGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTG 3487

Qy       1004 --------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProS 1019
                            |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3488 TCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCA 3547
```

```
Qy       1019 erValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisA 1039
              ||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||| 
Db       3548 GCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACC 3607

Qy       1039 laGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetS 1059
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3608 CGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGT 3667

Qy       1059 erHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgT 1079
              ||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||
Db       3668 CGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCA 3727

Qy       1079 hrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProS 1099
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||||||
Db       3728 CCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCA 3784

Qy       1099 erAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgS 1119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3785 GCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCT 3844

Qy       1119 erSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluA 1139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3845 CCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGC 3904

Qy       1139 rgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluG 1159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3905 GGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAG 3964

Qy       1159 luAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluA 1179
              ||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3965 AGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGG 4024

Qy       1179 laLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaS 1199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4025 CCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCA 4084

Qy       1199 erGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgL 1219
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4085 GTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCC 4144

Qy       1219 euAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluG 1239
              ||||||||   ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::|||||||
Db       4145 TGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGG 4204

Qy       1239 lyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysC 1259
              |||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||
Db       4205 GCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCT 4264

Qy       1259 ysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuL 1279
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4265 GCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCC 4324

Qy       1279 euCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheL 1299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4325 TGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCC 4384

Qy       1299 euAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgI 1319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4385 TTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCA 4444

Qy       1319 lePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValL 1339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4445 TCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGA 4504

Qy       1339 ysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnV 1359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4505 AGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACG 4564

Qy       1359 alLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerA 1379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4565 TGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTG 4624

Qy       1379 spSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgP 1399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4625 AGAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCC 4684

Qy       1399 roLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerS 1419
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4685 CGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCT 4744

Qy       1419 erLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyI 1439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4745 CACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCA 4804

Qy       1439 leLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgA 1459
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4805 TCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGA 4864

Qy       1459 snIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrA 1479
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4865 ACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACA 4924

Qy       1479 snPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyT 1499
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4925 ACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTT 4984

Qy       1499 rpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetA 1519
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4985 GGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGA 5044

Qy       1519 snHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheV 1539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5045 ACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTG 5104

Qy       1539 alLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnG 1559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5105 TCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGG 5164

Qy       1559 luGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgA 1579
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5165 AGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAA 5224

Qy       1579 rgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5225 GGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 5284

Qy       1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5285 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 5344

Qy       1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5345 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 5404

Qy       1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       5405 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 5464

Qy       1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5465 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5524

Qy       1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       5525 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5584

Qy       1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5585 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5644

Qy       1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db       5645 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5704

Qy       1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5705 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5764

Qy       1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5765 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5824

Qy       1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5825 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5884

Qy       1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db       5885 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5944

Qy       1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5945 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 6004

Qy       1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6005 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 6064

Qy       1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6065 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 6124

Qy       1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db       6125 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 6184

Qy       1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
              ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db       6185 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 6244

Qy       1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProL 1939
              ||   |||||||||||||||||||||||    |||||||||   |||:::|||
Db       6245 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA------- 6297

Qy       1939 euGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProA 1959
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6298 --GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCA 6355

Qy       1959 snAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyT 1979
              ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||
Db       6356 ATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCT 6415

Qy       1979 rpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspT 1999
              |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db       6416 GGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATA 6475

Qy       1999 hrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaP 2019
              |||||   |||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   ||||
Db       6476 CCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCC 6535

Qy       2019 roThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgP 2039
              |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6536 CAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGC 6595

Qy       2039 roLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerA 2059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6596 CACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCC 6655

Qy       2059 rgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerP 2079
              ||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||
Db       6656 GGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTT 6715

Qy       2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
              ||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::||||
Db       6716 TCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCA 6775

Qy       2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
              |||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   ||||
Db       6776 AGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTC 6835

Qy       2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6836 CAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCC 6895

Qy       2139 eu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerV 2158
              ||   |||      ||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db       6896 TGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCG 6955

Qy       2158 alGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisS 2178
              |||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db       6956 TGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACT 7015

Qy       2178 erIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerS 2198
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:
Db       7016 CTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTA 7075

Qy       2198 erLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProP 2218
              ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7076 ACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCCGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGC 7135

Qy       2218 roSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyV 2238
              ||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:
Db       7136 CTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTA 7195

Qy       2238 alCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProL 2258
              ::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||
Db       7196 TCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCC 7255

Qy       2258 euAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuS 2278
                ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       7256 CTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTAT 7315

Qy       2278 erSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||   |||:::||||||
Db       7316 CCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 7341

RESULT 9
AAX83481
ID   AAX83481 standard; cDNA; 6750 BP.
XX
AC   AAX83481;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Human T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (hCavT1a) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14586.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 31-40; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a human T-type voltage-
CC   gated calcium (Ca) channel alpha-1-G designated hCavT1a. Voltage gated
CC   channels are membrane bound glycosylated proteins formed of several
CC   subunits. The large alpha subunits form a pore in the membrane that is
CC   selective for a given ionic species. Each alpha subunit contains 4
CC   domains (I, II, III and IV) and each domain contains 6 putative
CC   transmembrane helical segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated
CC   at a lower voltage than L- or N-type channels. Characteristics of T-type
CC   channels include short current time, slow activation kinetics near
CC   threshold, fast inactivation kinetics and slow tail current. The
CC   sequences AAX83481-X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel
CC   genes from humans and rats. Each of the novel Ca-channels contains a
CC   putative IVS4 region comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells
CC   expressing the T-type voltage-gated calcium channel proteins can be used
CC   to screen for drugs which affect calcium channels. Methods are also
CC   disclosed for treating a disease or disorder associated with a deficiency
CC   in a native T-type calcium channel nucleic acid, e.g. to treat
CC   cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6750 BP; 1290 A; 2170 C; 1984 G; 1306 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6750
Score:                  10970.00        Matches:       2111
Percent Similarity:     94.99%         Conservative:  32
Best Local Similarity:  93.57%         Mismatches:    105
Query Match:            91.20%         Indels:        8
DB:                     2              Gaps:          4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83481 (1-6750)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyPro-GlyAlaAlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                  ||||||||||||   |||||| ||||||||||||||| ||||||   ||||||||||
Db          62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGGCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db         842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db        1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                    ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741
```

```
Qy     613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy     633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
             ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db    1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy     653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
           ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy     673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
           |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db    1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy     693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db    1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy     713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
           |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy     733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
           |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db    2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy     753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy     773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy     793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy     813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy     833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy     853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy     873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy     893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy     913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy     933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy     953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy     973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy     993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db    2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGC 2938

Qy    1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
           ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db    2939 CCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGG 2998

Qy    1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
           ||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2999 TGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACA 3058

Qy    1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
           ||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||
Db    3059 CGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGG 3118

Qy    1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
           ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db    3119 GCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACG 3175

Qy    1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
           ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3176 AGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCA 3235

Qy    1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3236 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGA 3295

Qy    1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3296 GAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATG 3355

Qy    1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
           ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3356 AAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3415

Qy    1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3416 GGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAG 3475

Qy    1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
           ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3476 GGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCA 3535

Qy    1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
           ||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||
Db    3536 AGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGG 3595

Qy    1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
           |||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:
Db    3596 ATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAG 3655

Qy    1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
           ::||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3656 CCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTC 3715

Qy    1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3716 AGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGG 3775

Qy    1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3776 TCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3835

Qy    1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3836 CCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTC 3895

Qy    1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3896 TGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACC 3955

Qy       1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3956 TGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTC 4015

Qy       1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4016 TGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4075

Qy       1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4076 TGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGG 4135

Qy       1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4136 TGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCT 4195

Qy       1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4196 TCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCC 4255

Qy       1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4256 AGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGT 4315

Qy       1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4316 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTT 4375

Qy       1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4376 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGG 4435

Qy       1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4436 ACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGC 4495

Qy       1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4496 TCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACA 4555

Qy       1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4556 AGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAA 4615

Qy       1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProT 1593
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4616 GACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTT 4675

Qy       1593 yrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrL 1613
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4676 ACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACC 4735

Qy       1613 euAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisT 1633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4736 TGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACT 4795

Qy       1633 yrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValI 1653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4796 ACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCA 4855

Qy       1653 lePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnA 1673
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       4856 TCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGG 4915

Qy       1673 spArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuG 1693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4916 ACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGG 4975

Qy       1693 luGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4976 AGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGG 5035

Qy       1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5036 TGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGC 5095

Qy       1733 euHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuL 1753
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5096 TGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGT 5155

Qy       1753 euPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluT 1773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5156 TGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGA 5215

Qy       1773 hrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheL 1793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5216 CACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCC 5275

Qy       1793 euThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerA 1813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |
Db       5276 TAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCC 5335

Qy       1813 rgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValS 1833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5336 GGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGT 5395

Qy       1833 erPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysH 1853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5396 CCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGC 5455

Qy       1853 isLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluL 1873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5456 ACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGC 5515

Qy       1873 euGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpP 1893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5516 TGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGC 5575

Qy       1893 roGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrA 1913
              ||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      |
Db       5576 CTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGG 5635

Qy       1913 laHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProG 1933
              |||||      :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db       5636 CCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCA 5695

Qy       1933 luGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerA 1953
                |||:::|||         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5696 CGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCC 5746

Qy       1953 rgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgS 1973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db       5747 GAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGAGCACTGCCGAGGGGC 5806

Qy       1973 erLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValH 1993
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       5807 CCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTC 5866

Qy       1993 isSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuL 2013
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||      :::||||
Db       5867 ACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGC 5926

Qy       2013 euGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgS 2033
              |||||||||||   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       5927 TCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCT 5986

Qy       2033 erProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspV 2053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5987 CCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACG 6046

Qy       2053 alGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProL 2073
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||
Db       6047 TTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCC 6106
```

```
Qy       2073 euThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyI 2093
              ||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||
Db       6107 TGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCA 6166

Qy       2093 leGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProS 2113
                   ||||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:
Db       6167 GCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCA 6226

Qy       2113 erTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerT 2133
              ::|||   |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6227 ACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCT 6286

Qy       2133 rpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspL 2152
              ||||||||||||||||||||   |||      ||||||||||||      ||||||||||
Db       6287 GGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACC 6346

Qy       2152 euLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuA 2172
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||
Db       6347 TGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGG 6406

Qy       2172 spGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgL 2192
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6407 ATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACC 6466

Qy       2192 euCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProL 2212
              ||         ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6467 TGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGAGCCGGCCCA 6526

Qy       2212 ysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgP 2232
              ||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||
Db       6527 AGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGA 6586

Qy       2232 roProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspP 2252
                |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db       6587 CCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATC 6646

Qy       2252 roSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrL 2272
              ||      |||   |||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6647 CCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGC 6706

Qy       2272 euSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6707 TGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6750

RESULT 10
AAX83483
ID   AAX83483 standard; cDNA; 6804 BP.
XX
AC   AAX83483;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Human T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (hCavT1c) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14588.
```

```
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 49-58; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a human T-type voltage-
CC   gated calcium (Ca) channel alpha-1-G designated hCavT1c. Voltage gated
CC   channels are membrane bound glycosylated proteins formed of several
CC   subunits. The large alpha subunits form a pore in the membrane that is
CC   selective for a given ionic species. Each alpha subunit contains 4
CC   domains (I, II, III and IV) and each domain contains 6 putative
CC   transmembrane helical segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated
CC   at a lower voltage than L- or N-type channels. Characteristics of T-type
CC   channels include short current time, slow activation kinetics near
CC   threshold, fast inactivation kinetics and slow tail current. The
CC   sequences AAX83481-X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel
CC   genes from humans and rats. Each of the novel Ca-channels contains a
CC   putative IVS4 region comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells
CC   expressing the T-type voltage-gated calcium channel proteins can be used
CC   to screen for drugs which affect calcium channels. Methods are also
CC   disclosed for treating a disease or disorder associated with a deficiency
CC   in a native T-type calcium channel nucleic acid, e.g. to treat
CC   cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6804 BP; 1301 A; 2186 C; 1998 G; 1319 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6804
Score:                  10946.00       Matches:       2110
Percent Similarity:     94.20%         Conservative:  32
Best Local Similarity:  92.79%         Mismatches:    106
Query Match:            91.00%         Indels:        26
DB:                     2              Gaps:          5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83483 (1-6804)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyPro-GlyAlaAlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||| ||||||||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGGCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db         842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db        1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                    ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy         613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db        1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy         633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                 ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db        1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy         653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
               ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy         673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
               |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy         693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db        1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy         713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
               |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy         733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
               |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy         753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy         773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy         793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy         813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy         833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy         853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy         873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy         893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy         913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy         933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758
```

```
Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGC 2938

Qy       1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db       2939 CCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGG 2998

Qy       1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
              ||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2999 TGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACA 3058

Qy       1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
              ||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||
Db       3059 CGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGG 3118

Qy       1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
              ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db       3119 GCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACG 3175

Qy       1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 AGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCA 3235

Qy       1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGA 3295

Qy       1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 GAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATG 3355

Qy       1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db       3356 AAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTCCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3415

Qy       1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 GGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAG 3475

Qy       1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
              ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3476 GGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCA 3535

Qy       1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
              ||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||
Db       3536 AGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGG 3595

Qy       1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
              |||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:
Db       3596 ATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAG 3655

Qy       1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
              ::||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3656 CCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTC 3715

Qy       1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3716 AGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGG 3775

Qy       1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3776 TCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3835

Qy       1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3836 CCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTC 3895

Qy       1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3896 TGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACC 3955

Qy       1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3956 TGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTC 4015

Qy       1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4016 TGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4075

Qy       1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4076 TGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGG 4135

Qy       1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4136 TGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCT 4195

Qy       1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4196 TCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCC 4255

Qy       1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4256 AGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGT 4315

Qy       1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4316 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTT 4375

Qy       1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4376 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGG 4435

Qy       1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4436 ACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGC 4495

Qy       1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4496 TCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACA 4555

Qy       1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4556 AGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAA 4615

Qy       1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAla------------------- 1586
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4616 GACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGATCTAATGCTGGACGATG 4675

Qy       1587 -----------------------------------GluAlaGlnCysLysProTyrTyrS 1595
                                                 |||||||||||||||||||||||||
Db       4676 TAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACT 4735

Qy       1595 erAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspL 1615
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4736 CCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACC 4795

Qy       1615 euPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnG 1635
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4796 TCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGC 4855

Qy       1635 lnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheV 1655
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4856 AGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTG 4915

Qy       1655 alPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgT 1675
```

```
              ||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db       4916 TCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGT 4975

Qy       1675 rpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluI 1695
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4976 GGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAA 5035

Qy       1695 leGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuA 1715
              |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5036 TCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGC 5095

Qy       1715 rgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisT 1735
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       5096 GCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACA 5155

Qy       1735 hrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPheP 1755
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5156 CGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTT 5215

Qy       1755 heIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisP 1775
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5216 TCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACC 5275

Qy       1775 roCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrL 1795
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5276 CCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCC 5335

Qy       1795 euPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspC 1815
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||
Db       5336 TCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACT 5395

Qy       1815 ysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheV 1835
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5396 GTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCG 5455

Qy       1835 alLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuG 1855
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5456 TGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGG 5515

Qy       1855 luGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluM 1875
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5516 AGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGA 5575

Qy       1875 etLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyV 1895
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5576 TGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGG 5635

Qy       1895 alGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisI 1915
              ||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      |||||| 
Db       5636 TCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACG 5695

Qy       1915 leGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluV 1935
                   :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:
Db       5696 CGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGC 5755

Qy       1935 alProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrH 1955
              ::|||         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5756 TGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGC 5806

Qy       1955 isSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuG 1975
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||
Db       5807 ACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGG 5866

Qy       1975 lyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerG 1995
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db       5867 GACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCC 5926

Qy       1995 lnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnP 2015
              |||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||      :::||||||||||
Db       5927 AGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGC 5986

Qy       2015 roHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProL 2035
              |||||   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5987 CCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTT 6046

Qy       2035 euAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnG 2055
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6047 TGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGG 6106

Qy       2055 lyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrA 2075
              ||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |
Db       6107 GTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCC 6166

Qy       2075 rgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnS 2095
              ||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||         |
Db       6167 GGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACA 6226

Qy       2095 erLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpA 2115
              |||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:::||| 
Db       6227 GCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGG 6286

Qy       2115 laLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleS 2135
                |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db       6287 GCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTT 6346

Qy       2135 erGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysL 2154
              ||||||||||||||   |||      ||||||||||||      ||||||||||||||||
Db       6347 CAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGA 6406

Qy       2154 ysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluG 2174
              |||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||||||||
Db       6407 AGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGC 6466

Qy       2174 lnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysP 2194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||    
Db       6467 AGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCA 6526

Qy       2194 roSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysL 2214
                   ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6527 CAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAA 6586

Qy       2214 ysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProC 2234
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||   ||| 
Db       6587 AACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGC 6646

Qy       2234 ysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerV 2254
                |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||    
Db       6647 CCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGG 6706

Qy       2254 alSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerL 2274
                |||   |||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       6707 CCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTC 6766

Qy       2274 euSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6767 TCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6804

RESULT 11
AAX83482
ID   AAX83482 standard; cDNA; 6783 BP.
XX
AC   AAX83482;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Human T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (hCavT1b) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
```

```
PF   30-OCT-1998;    98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;    97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14587.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 40-49; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a human T-type voltage-
CC   gated calcium (Ca) channel alpha-1-G designated hCavT1b. Voltage gated
CC   channels are membrane bound glycosylated proteins formed of several
CC   subunits. The large alpha subunits form a pore in the membrane that is
CC   selective for a given ionic species. Each alpha subunit contains 4
CC   domains (I, II, III and IV) and each domain contains 6 putative
CC   transmembrane helical segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated
CC   at a lower voltage than L- or N-type channels. Characteristics of T-type
CC   channels include short current time, slow activation kinetics near
CC   threshold, fast inactivation kinetics and slow tail current. The
CC   sequences AAX83481-X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel
CC   genes from humans and rats. Each of the novel Ca-channels contains a
CC   putative IVS4 region comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells
CC   expressing the T-type voltage-gated calcium channel proteins can be used
CC   to screen for drugs which affect calcium channels. Methods are also
CC   disclosed for treating a disease or disorder associated with a deficiency
CC   in a native T-type calcium channel nucleic acid, e.g. to treat
CC   cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6783 BP; 1294 A; 2182 C; 1990 G; 1317 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0            Length:         6783
Score:                  10923.50      Matches:        2105
Percent Similarity:     94.31%       Conservative:   33
Best Local Similarity:  92.85%       Mismatches:     110
Query Match:            90.82%       Indels:         19
DB:                     2            Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83482 (1-6783)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyPro-GlyAlaAlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||| ||||||||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGGCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db        842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db       1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501
```

```
Qy       533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db      1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy       553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy       573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                  ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy       593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy       613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy       633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
               ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db      1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy       653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
             ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy       673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
             |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy       693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db      1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy       713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
             |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy       733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
             |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy       753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy       773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy       793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy       813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy       833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy       853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy       873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy       893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy       913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy       933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy       953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy       973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy       993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGC 2938

Qy      1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
             ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db      2939 CCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGG 2998

Qy      1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
             ||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2999 TGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACA 3058

Qy      1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
             ||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||
Db      3059 CGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGG 3118

Qy      1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
             ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db      3119 GCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACG 3175

Qy      1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
             ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3176 AGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCA 3235

Qy      1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3236 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGA 3295

Qy      1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3296 GAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATG 3355

Qy      1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
             ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3356 AAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3415

Qy      1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3416 GGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAG 3475

Qy      1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
             ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3476 GGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCA 3535

Qy      1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
             ||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||
Db      3536 AGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGG 3595

Qy      1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
             |||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:
Db      3596 ATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAG 3655

Qy      1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
             ::||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3656 CCCGACTCCCTGCTTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTC 3715

Qy      1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3716 AGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGG 3775

Qy      1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3776 TCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3835

Qy      1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3836 CCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTC 3895

Qy      1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3896 TGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACC 3955

Qy      1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3956 TGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTC 4015

Qy      1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4016 TGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4075

Qy      1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4076 TGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGG 4135

Qy      1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4136 TGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCT 4195

Qy      1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4196 TCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCC 4255

Qy      1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4256 AGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGT 4315

Qy      1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4316 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTT 4375

Qy      1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4376 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGG 4435

Qy      1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4436 ACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGC 4495

Qy      1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4496 TCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACA 4555

Qy      1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4556 AGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAA 4615

Qy      1573 rgLeuGluLysLysArgArg---------------------------------SerLysG 1582
             ||||||||||||||||||||                                 |||
Db      4616 GACTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGCTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAG 4675

Qy      1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
                        :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4676 CCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGC 4735

Qy      1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4736 TCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCG 4795

Qy      1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4796 GGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGG 4855

Qy      1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      4856 CTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAAC 4915

Qy      1662 euValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaI 1682
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4916 TTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCA 4975

Qy      1682 leValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuP 1702
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db      4976 TTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGC 5035

Qy      1702 roIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysL 1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5036 CCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGC 5095

Qy      1722 euLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProG 1742
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db      5096 TGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCC 5155

Qy      1742 lnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyV 1762
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5156 AGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCG 5215

Qy      1762 alGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgH 1782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5216 TGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTC 5275

Qy      1782 isAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyA 1802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5276 ATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTG 5335

Qy      1802 spAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysT 1822
             ||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db      5336 ACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCT 5395

Qy      1822 yrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValL 1842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5396 ACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGC 5455

Qy      1842 euValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaL 1862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5456 TAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCA 5515

Qy      1862 ysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnP 1882
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5516 AGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGC 5575

Qy      1882 roHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrA 1902
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |
Db      5576 CCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCG 5635

Qy      1902 spSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheS 1922
             ||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||||   ||||
Db      5636 ACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTT 5695

Qy      1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
             ||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||         |||||||
Db      5696 CCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAG 5746

Qy      1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5747 ACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCT 5806

Qy      1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
             |||||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db      5807 ACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCC 5866
```

```
Qy       1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
              ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       5867 CCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACA 5926

Qy       2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
              ||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||
Db       5927 TCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGG 5986

Qy       2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5987 GCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGC 6046

Qy       2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6047 GCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACC 6106

Qy       2062 euLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyG 2082
              |||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||
Db       6107 TGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCC 6166

Qy       2082 lySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleA 2102
                ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::
Db       6167 AGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGA 6226

Qy       2102 rgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrA 2122
                   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||
Db       6227 CCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCA 6286

Qy       2122 rgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProS 2141
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db       6287 GAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTG 6346

Qy       2141 erSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrG 2161
                   ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6347 GCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCC 6406

Qy       2161 lnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaV 2181
              ||||||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6407 AGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCG 6466

Qy       2181 alSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyG 2201
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||
Db       6467 TCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGG 6526

Qy       2201 lyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleS 2221
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db       6527 GCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCA 6586

Qy       2221 erIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuA 2241
              ::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||
Db       6587 CCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCC 6646

Qy       2241 rgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerT 2261
              ||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||
Db       6647 GGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCA 6706

Qy       2261 hrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspP 2281
                |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       6707 TGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACC 6766

Qy       2281 roThrAspMetAspPro 2286
              ||   |||:::||||||
Db       6767 CAGCAGACCTGGACCCC 6783

RESULT 12 .
AAX83484
ID   AAX83484 standard; cDNA; 6729 BP.
XX
AC   AAX83484;
XX
DT   07-DEC-1999  (first entry)
XX
DE   Human T-type voltage-gated Ca channel alpha-1-G (hCavT1d) cDNA.
XX
KW   Human; T-type voltage-gated calcium channel; membrane; pore; ion;
KW   activation; current; rat; screen; drug; cardiomyopathy; epilepsy; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9929847-A1.
XX
PD   17-JUN-1999.
XX
PF   30-OCT-1998;   98WO-US023161.
XX
PR   05-DEC-1997;   97US-00985809.
XX
PA   (LOYO ) UNIV LOYOLA CHICAGO.
XX
PI   Perez-Reyes E,  Cribbs LL;
XX
DR   WPI; 1999-394972/33.
DR   P-PSDB; AAY14589.
XX
PT   New T-type voltage-gated calcium channels.
XX
PS   Disclosure; Page 58-67; 138pp; English.
XX
CC   This sequence represents the coding region for a human T-type voltage-
CC   gated calcium (Ca) channel alpha-1-G designated hCavT1d. Voltage gated
CC   channels are membrane bound glycosylated proteins formed of several
CC   subunits. The large alpha subunits form a pore in the membrane that is
CC   selective for a given ionic species. Each alpha subunit contains 4
CC   domains (I, II, III and IV) and each domain contains 6 putative
CC   transmembrane helical segments (S1-S6). T-type Ca channels are activated
CC   at a lower voltage than L- or N-type channels. Characteristics of T-type
CC   channels include short current time, slow activation kinetics near
CC   threshold, fast inactivation kinetics and slow tail current. The
CC   sequences AAX83481-X83492 represent novel T-type voltage-gated Ca channel
CC   genes from humans and rats. Each of the novel Ca-channels contains a
CC   putative IVS4 region comprising the amino acid sequence AAY14598. Cells
CC   expressing the T-type voltage-gated calcium channel proteins can be used
CC   to screen for drugs which affect calcium channels. Methods are also
CC   disclosed for treating a disease or disorder associated with a deficiency
CC   in a native T-type calcium channel nucleic acid, e.g. to treat
CC   cardiomyopathy, epilepsy, etc
XX
SQ   Sequence 6729 BP; 1283 A; 2168 C; 1975 G; 1303 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         6729
Score:                  10919.50         Matches:        2103
Percent Similarity:     94.68%          Conservative:   33
Best Local Similarity:  93.22%          Mismatches:     105
Query Match:            90.78%          Indels:         15
DB:                     2               Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAX83484 (1-6729)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyPro-GlyAlaAlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                 ||||||||||||   |||||| ||||||||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGGCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
```

```
                ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy          133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy          153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy          173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy          193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy          213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy          233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy          253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy          273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db          722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy          293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy          313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
                ||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||   ||||
Db          842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy          333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
                ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy          353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy          373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy          393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy          413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy          433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy          453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy          473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db         1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy          493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
                ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db         1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy          513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
                |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy          533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db         1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy          553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy          573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                     ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy          593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy          613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy          633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                  ||||||:::|||||||||||||||||||||    |||   ||||||||||||||||||
Db         1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy          653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
                ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy          673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
                |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy          693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||    |||  |
Db         1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy          713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
                |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy          733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
                |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy          753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy          773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy          793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy          813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy          833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458
```

```
Qy        853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy        873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy        893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy        913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy        933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy        953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy        973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy        993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluP 1013
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGC 2938

Qy       1013 roAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuV 1033
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db       2939 CCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGG 2998

Qy       1033 alAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisT 1053
              ||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2999 TGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACA 3058

Qy       1053 hrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuG 1073
              ||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||
Db       3059 CGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGG 3118

Qy       1073 lySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisG 1093
              ||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db       3119 GCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACG 3175

Qy       1093 luMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerS 1113
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3176 AGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCA 3235

Qy       1113 erTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgA 1133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3236 GCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGA 3295

Qy       1133 rgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspG 1153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3296 GAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATG 3355

Qy       1153 luGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgG 1173
              ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3356 AAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGG 3415

Qy       1173 lySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProG 1193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3416 GGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAG 3475

Qy       1193 lyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyL 1213
              ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3476 GGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCA 3535

Qy       1213 ysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyA 1233
              ||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||
Db       3536 AGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGG 3595

Qy       1233 spAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgS 1253
              |||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:
Db       3596 ATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAG 3655

Qy       1253 erArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProG 1273
              ::||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3656 CCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTC 3715

Qy       1273 lnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValV 1293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3716 AGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGG 3775

Qy       1293 alLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspP 1313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3776 TCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACC 3835

Qy       1313 roHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheL 1333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3836 CCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTC 3895

Qy       1333 euAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrL 1353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3896 TGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACC 3955

Qy       1353 euArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleL 1373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3956 TGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTC 4015

Qy       1373 euValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgL 1393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4016 TGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGC 4075

Qy       1393 euLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValV 1413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4076 TGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGG 4135

Qy       1413 alGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaP 1433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4136 TGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCT 4195

Qy       1433 hePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysG 1453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4196 TCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCC 4255

Qy       1453 lnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgT 1473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4256 AGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGT 4315

Qy       1473 rpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValL 1493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4316 GGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTT 4375

Qy       1493 euAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValA 1513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4376 TGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGG 4435

Qy       1513 spGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuL 1533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4436 ACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGC 4495

Qy       1533 euIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisL 1553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4496 TCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACA 4555

Qy       1553 ysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgA 1573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4556 AGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAA 4615

Qy       1573 rgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProT 1593
```

```
              ||||||||||||||||||||                     :::||||||||||||||||
Db       4616 GACTGGAGAAAAAGAGAAGG---------------------AAAGCCCAGTGCAAACCTT 4654

Qy       1593 yrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrL 1613
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4655 ACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACC 4714

Qy       1613 euAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisT 1633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4715 TGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACT 4774

Qy       1633 yrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValI 1653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4775 ACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCA 4834

Qy       1653 lePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnA 1673
              ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       4835 TCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGG 4894

Qy       1673 spArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuG 1693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4895 ACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGG 4954

Qy       1693 luGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4955 AGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGG 5014

Qy       1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5015 TGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGC 5074

Qy       1733 euHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuL 1753
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5075 TGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGT 5134

Qy       1753 euPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluT 1773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5135 TGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGA 5194

Qy       1773 hrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheL 1793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5195 CACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCC 5254

Qy       1793 euThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerA 1813
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |
Db       5255 TAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCC 5314

Qy       1813 rgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValS 1833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5315 GGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGT 5374

Qy       1833 erPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysH 1853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5375 CCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGC 5434

Qy       1853 isLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluL 1873
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5435 ACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGC 5494

Qy       1873 euGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpP 1893
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5495 TGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGC 5554

Qy       1893 roGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrA 1913
              ||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      |
Db       5555 CTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGG 5614

Qy       1913 laHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProG 1933
              |||||      :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db       5615 CCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCA 5674

Qy       1933 luGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerA 1953
                |||:::|||         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5675 CGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCC 5725

Qy       1953 rgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgS 1973
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db       5726 GAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGC 5785

Qy       1973 erLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValH 1993
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       5786 CCCTGGGACACAGGGGCTGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTC 5845

Qy       1993 isSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuL 2013
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||      :::||||
Db       5846 ACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGC 5905

Qy       2013 euGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgS 2033
              |||||||||||   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       5906 TCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCT 5965

Qy       2033 erProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspV 2053
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5966 CCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACG 6025

Qy       2053 alGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProL 2073
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||
Db       6026 TTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCC 6085

Qy       2073 euThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyI 2093
              ||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||
Db       6086 TGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCA 6145

Qy       2093 leGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProS 2113
                   ||||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:
Db       6146 GCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCA 6205

Qy       2113 erTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerT 2133
              ::|||   |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6206 ACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCT 6265

Qy       2133 rpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspL 2152
              ||||||||||||||||||||   |||      ||||||||||||      ||||||||||
Db       6266 GGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACC 6325

Qy       2152 euLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuA 2172
              |||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||
Db       6326 TGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGG 6385

Qy       2172 spGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgL 2192
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6386 ATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACC 6445

Qy       2192 euCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProL 2212
              ||         ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6446 TGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGAGCCGGCCCA 6505

Qy       2212 ysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgP 2232
              ||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||
Db       6506 AGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGA 6565

Qy       2232 roProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspP 2252
                |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db       6566 CCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATC 6625

Qy       2252 roSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrL 2272
              ||      |||   |||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |
Db       6626 CCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGC 6685

Qy       2272 euSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6686 TGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6729
```

RESULT 13
AAF31684
ID   AAF31684 standard; cDNA; 6892 BP.

```
XX
AC   AAF31684;
XX
DT   09-APR-2001  (first entry)
XX
DE   Human alpha-IG T-type calcium channel cDNA.
XX
KW   Human; antiarrhythmic; anticonvulsant; hypotensive; cardiant; nootropic;
KW   T-type calcium channel subunit; cardiac hypertrophy; cardiac arrhythmia;
KW   hypertension; sleep disorder; epilepsy; alpha-IG T-type calcium channel;
KW   ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200102561-A2.
XX
PD   11-JAN-2001.
XX
PF   04-JUL-2000; 2000WO-CA000794.
XX
PR   02-JUL-1999;   99US-00346794.
XX
PA   (NEUR-) NEUROMED TECHNOLOGIES INC.
XX
PI   Snutch TP,  Baillie DL;
XX
DR   WPI; 2001-123111/13.
DR   P-PSDB; AAB66481.
XX
PT   Novel T-type calcium channel alpha-1 subunit gene useful for treating
PT   cardiac hypertrophy, cardiac arrhythmia, hypertension, sleep disorder and
PT   epilepsy.
XX
PS   Example 3; Fig 6; 103pp; English.
XX
CC   The present sequence is given in a specification providing sequences and
CC   partial sequences for three types of mammalian (human and rat) T-type
CC   calcium channel subunits. An expression cassette has been generated which
CC   comprises a nucleotide sequence encoding a T-type calcium channel alpha_1
CC   subunit operably linked to control sequences to effect its expression.
CC   The novel calcium channel nucleic acids and proteins are useful for
CC   treating conditions characterised by undesirable levels of T-type calcium
CC   channel activity such as cardiac hypertrophy, cardiac arrhythmia,
CC   hypertension, sleep disorder and epilepsy
XX
SQ   Sequence 6892 BP; 1315 A; 2223 C; 2017 G; 1337 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         6892
Score:                  10916.00         Matches:        2109
Percent Similarity:     93.42%          Conservative:   34
Best Local Similarity:  91.94%          Mismatches:     113
Query Match:            90.75%          Indels:         38
DB:                     5               Gaps:           6

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AAF31684 (1-6892)

Qy           19 AlaArgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArg 38
                |||   ||||||   |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db            7 GCTTGCCCCTCTCCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGG 66

Qy           39 MetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCys 58
                |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||
Db           67 ATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGT 126

Qy           59 ProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspS 78
                   |||||||||||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db          127 CGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACT 186

Qy           78 erGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerG 98
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          187 CCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCC 246

Qy           98 lnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgV 118
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db          247 AGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCA 306

Qy          118 alSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluA 138
                ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          307 TCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGG 366

Qy          138 spIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheA 158
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          367 ACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTG 426

Qy          158 laPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysC 178
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          427 CCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGT 486

Qy          178 ysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuG 198
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          487 GTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGG 546

Qy          198 luTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuA 218
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          547 AGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGC 606

Qy          218 rgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuA 238
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          607 GACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGG 666

Qy          238 spThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheG 258
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          667 ATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCG 726

Qy          258 lyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluA 278
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          727 GCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGA 786

Qy          278 snPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspG 298
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db          787 ATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATG 846

Qy          298 luSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValP 318
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          847 AGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGC 906

Qy          318 roThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrA 338
                ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||
Db          907 CCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACA 966

Qy          338 snSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaG 358
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          967 ACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGG 1026

Qy          358 lyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleA 378
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1027 GGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCG 1086

Qy          378 laIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspA 398
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1087 CCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATG 1146

Qy          398 laHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheM 418
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1147 CTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCA 1206

Qy          418 etIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluS 438
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1207 TGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAA 1266

Qy          438 erGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerP 458
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1267 GCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCT 1326

Qy          458 heSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgL 478
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1327 TCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTA 1386

Qy        478 ysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuS 498
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||   ||||
Db       1387 AGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCGTCTCA 1446

Qy        498 erSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerH 518
              ||||||||            |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||
Db       1447 GCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCC 1506

Qy        518 isArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrH 538
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1507 ACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACC 1566

Qy        538 isLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspA 558
              |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1567 ACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATG 1626

Qy        558 laAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyP 578
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   |
Db       1627 CCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCC 1686

Qy        578 roProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProV 598
              |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1687 CCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAG 1746

Qy        598 alArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlyS 618
              ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1747 TCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCA 1806

Qy        618 erGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysA 638
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||
Db       1807 GCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGG 1866

Qy        638 laLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProP 658
              |||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db       1867 CACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCAC 1926

Qy        658 roGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisS 678
              ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db       1927 CCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAA 1986

Qy        678 erSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspS 698
              ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1987 GCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACA 2046

Qy        698 erCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetP 718
              ||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||
Db       2047 GCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGC 2106

Qy        718 roAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuA 738
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2107 CTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCC 2166

Qy        738 rgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerV 758
              ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2167 GGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTG 2223

Qy        758 alLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrP 778
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2224 TGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACT 2283

Qy        778 heGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrH 798
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2284 TTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACC 2343

Qy        798 isGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerL 818
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2344 ACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCC 2403

Qy        818 euPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysA 838
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db       2404 TCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGA 2463

Qy        838 snProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyG 858
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2464 ATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCC 2523

Qy        858 lnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuV 878
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2524 AGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGG 2583

Qy        878 alArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnV 898
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2584 TGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACG 2643

Qy        898 alAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetH 918
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2644 TGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGC 2703

Qy        918 isLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysA 938
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2704 ATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGA 2763

Qy        938 snPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspT 958
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2764 ATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACT 2823

Qy        958 rpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheI 978
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2824 GGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCA 2883

Qy        978 leAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValG 998
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2884 TTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGG 2943

Qy        998 luGlyPheGlnAlaGlu------------------------------------------- 1003
              |||||||||||||||||
Db       2944 AGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTA 3003

Qy       1004 --------------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspP 1015
                                        |||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db       3004 TTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATT 3063

Qy       1015 hePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaL 1035
              ||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|
Db       3064 TCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCC 3123

Qy       1035 euGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaA 1055
              |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3124 TGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCG 3183

Qy       1055 laThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerG 1075
              ||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||
Db       3184 CCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTG 3243

Qy       1075 lySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetL 1095
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db       3244 CGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGA 3300

Qy       1095 ysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpT 1115
              ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3301 AGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGA 3360

Qy       1115 hrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerP 1135
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3361 CCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCC 3420

Qy       1135 roSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluG 1155
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3421 CAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGG 3480

Qy       1155 luSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerL 1175
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3481 AGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCC 3540
```

```
Qy        1175 euGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuH 1195
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        3541 TGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGCTGCCAGGGCTGC 3600

Qy        1195 isArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerA 1215
               ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        3601 ATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATCGCAAGTCGG 3660

Qy        1215 laSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspA 1235
               ||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   ||||||||||||||| 
Db        3661 CTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACG 3720

Qy        1235 spAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgL 1255
                 :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||
Db        3721 CCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGAC 3780

Qy        1255 euProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerA 1275
               |||||||||||      ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db        3781 TCCCTGCCTGCTACCTCGAGCGAGACTCCTGGTCACCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCA 3840

Qy        1275 rgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuV 1295
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        3841 GGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCAGGTGGTCCTTG 3900

Qy        1295 alIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisS 1315
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3901 TCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACA 3960

Qy        1315 erAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaG 1335
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3961 GCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTG 4020

Qy        1335 luMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgS 1355
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4021 AAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGA 4080

Qy        1355 erSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValS 1375
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4081 GCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGT 4140

Qy        1375 erMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuA 1395
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4141 CCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGC 4200

Qy        1395 rgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluT 1415
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4201 GGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGA 4260

Qy        1415 hrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheI 1435
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4261 CGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCA 4320

Qy        1435 leIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyG 1455
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4321 TCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCG 4380

Qy        1455 luAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValA 1475
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4381 AGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCC 4440

Qy        1475 rgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaS 1495
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4441 GGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCT 4500

Qy        1495 erLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnG 1515
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4501 CCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGC 4560

Qy        1515 lnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleV 1535
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4561 AGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTG 4620

Qy        1535 alAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysA 1555
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4621 TGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTA 4680

Qy        1555 rgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuG 1575
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4681 GGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGG 4740

Qy        1575 luLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrS 1595
               ||||||||||||||                     :::||||||||||||||||||||||
Db        4741 AGAAAAAGAGAAGG---------------------AAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACT 4779

Qy        1595 erAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspL 1615
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4780 CCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACC 4839

Qy        1615 euPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnG 1635
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4840 TCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGC 4899

Qy        1635 lnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheV 1655
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4900 AGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTG 4959

Qy        1655 alPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgT 1675
               ||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db        4960 TCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGT 5019

Qy        1675 rpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluI 1695
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5020 GGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAA 5079

Qy        1695 leGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuA 1715
               |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5080 TCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGC 5139

Qy        1715 rgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisT 1735
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db        5140 GCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACA 5199

Qy        1735 hrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPheP 1755
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5200 CGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTT 5259

Qy        1755 heIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisP 1775
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5260 TCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACC 5319

Qy        1775 roCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrL 1795
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5320 CCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCC 5379

Qy        1795 euPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspC 1815
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||
Db        5380 TCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACT 5439

Qy        1815 ysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheV 1835
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5440 GTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCG 5499

Qy        1835 alLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuG 1855
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5500 TGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGG 5559

Qy        1855 luGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluM 1875
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5560 AGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGA 5619

Qy        1875 etLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyV 1895
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5620 TGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGG 5679

Qy        1895 alGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisI 1915
```

```
              ||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||
Db       5680 TCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACG 5739

Qy       1915 leGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluV 1935
                   :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:
Db       5740 CGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGC 5799

Qy       1935 alProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrH 1955
              ::|||         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5800 TGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGC 5850

Qy       1955 isSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuG 1975
              ||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||
Db       5851 ACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGG 5910

Qy       1975 lyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerG 1995
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db       5911 GACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCC 5970

Qy       1995 lnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnP 2015
              |||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||      :::||||||||||
Db       5971 AGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGC 6030

Qy       2015 roHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProL 2035
              |||||   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6031 CCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTT 6090

Qy       2035 euAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnG 2055
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6091 TGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGG 6150

Qy       2055 lyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrA 2075
              ||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |
Db       6151 GTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCC 6210

Qy       2075 rgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnS 2095
              ||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||         |
Db       6211 GGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACA 6270

Qy       2095 erLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpA 2115
              |||||:::||||||||||:::     ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db       6271 GCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGG 6330

Qy       2115 laLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleS 2135
                |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6331 GCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTT 6390

Qy       2135 erGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysL 2154
              ||||||||||||||   |||      ||||||||||||      ||||||||||||||||
Db       6391 CAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGA 6450

Qy       2154 ysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluG 2174
              |||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||||||||
Db       6451 AGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGC 6510

Qy       2174 lnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysP 2194
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db       6511 AGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCA 6570

Qy       2194 roSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysL 2214
                   ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6571 CAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAA 6630

Qy       2214 ysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProC 2234
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||   |||
Db       6631 AACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGC 6690

Qy       2234 ysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerV 2254
                |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db       6691 CCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGG 6750

Qy       2254 alSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerL 2274
                |||   |||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||
```

```
Db       6751 CCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTC 6810

Qy       2274 euSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6811 TCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6848

RESULT 14
ADQ89063
ID   ADQ89063 standard; cDNA; 7648 BP.
XX
AC   ADQ89063;
XX
DT   21-OCT-2004  (first entry)
XX
DE   Human urological disorder related protein 4421 encoding cDNA SEQ:15.
XX
KW   urological disorder; uropathic; cytostatic; urinary incontinence;
KW   benign prostatic hyperplasia; human; gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             1..7134
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "urological disorder related protein 4421"
XX
PN   WO2004065576-A2.
XX
PD   05-AUG-2004.
XX
PF   14-JAN-2004; 2004WO-US000750.
XX
PR   15-JAN-2003; 2003US-0440318P.
PR   04-FEB-2003; 2003US-0444783P.
PR   27-MAR-2003; 2003US-0457901P.
PR   08-MAY-2003; 2003US-0468775P.
PR   19-MAY-2003; 2003US-0471614P.
PR   16-JUN-2003; 2003US-0478742P.
PR   18-JUL-2003; 2003US-0488529P.
PR   30-JUL-2003; 2003US-0491156P.
PR   02-SEP-2003; 2003US-0499594P.
PR   26-SEP-2003; 2003US-0506332P.
XX
PA   (MILL-) MILLENNIUM PHARM INC.
XX
PI   Karicheti V,  Silos-Santiago I,  Eliasof SD;
XX
DR   WPI; 2004-562167/54.
DR   P-PSDB; ADQ89064.
XX
PT   Use of polypeptides related to urological disorders, e.g. 44390, 54181,
PT   211 or for identifying a compound capable of treating a urological
PT   disorder or identifying and treating a subject having a urological
PT   disorder.
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 15; 542pp; English.
XX
CC   The present invention describes the use of polypeptides related to
CC   urological disorders for identifying a compound capable of treating a
CC   urological disorder, identifying a subject having a urological disorder,
CC   or treating a subject having a urological disorder. Also described: (1) a
CC   method for identifying a compound capable of treating a urological
CC   disorder; (2) a method for identifying a subject having a urological
CC   disorder; and (3) a method for treating a subject having a urological
CC   disorder. The compound has uropathic and cytostatic activities. The
CC   polypeptides related to urological disorders are useful for identifying a
CC   compound capable of treating a urological disorder, identifying a subject
CC   having a urological disorder, or treating a subject having a urological
CC   disorder. Disorders include urinary incontinence and benign prostatic
CC   hyperplasia. The present sequence encodes a human urological disorder
CC   related protein, which is used in the exemplification of the present
CC   invention.
XX
```

```
SQ   Sequence 7648 BP; 1492 A; 2419 C; 2205 G; 1532 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         7648
Score:                  10845.50         Matches:        2105
Percent Similarity:     89.72%          Conservative:   33
Best Local Similarity:  88.33%          Mismatches:     110
Query Match:            90.17%          Indels:         135
DB:                     13              Gaps:           7

US-09-611-257A-24 (1-2287) x ADQ89063 (1-7648)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                  ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db          62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db         842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||   ||||||||||||||||||             |||||||||   |||||||||  |
Db        1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                    ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy         613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy         633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                 ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db        1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy         653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
               ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy         673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
               |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy         693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db      1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy       713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
             |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy       733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
             |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy       753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy       773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy       793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy       813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy       833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy       853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy       873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy       893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy       913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy       933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy       953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy       973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy       993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy      1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                      |||||||||   |||||||
Db      2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy      1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db      2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy      1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
             |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy      1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
             |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db      3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy      1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
             |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy      1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
             ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy      1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy      1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy      1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db      3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy      1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy      1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db      3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy      1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db      3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy      1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
             ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db      3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy      1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
             ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy      1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy      1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy      1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy      1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy      1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy      1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy      1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195
```

```
Qy        1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy        1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy        1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy        1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy        1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy        1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy        1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy        1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy        1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
               |||||||||||||||||||||||||||||
Db        4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGCTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4735

Qy        1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
                 |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4736 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 4795

Qy        1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4796 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 4855

Qy        1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4856 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 4915

Qy        1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        4916 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 4975

Qy        1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
               ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4976 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5035

Qy        1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5036 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5095

Qy        1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5096 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5155

Qy        1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db        5156 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5215

Qy        1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5216 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5275

Qy        1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5276 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5335

Qy        1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5336 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5395

Qy        1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db        5396 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5455

Qy        1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5456 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5515

Qy        1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5516 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 5575

Qy        1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5576 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 5635

Qy        1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db        5636 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 5695

Qy        1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
               ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db        5696 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 5755

Qy        1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThr---------------------------------- 1927
               ||   |||||||||||||||||||||
Db        5756 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTGACACCATATCCCTGCTGA 5815

Qy        1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db        5816 TCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGCTGGCAGGCCCAGGGGGCC 5875

Qy        1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db        5876 AGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCGACCCACAGATCCCTCTAG 5935

Qy        1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db        5936 CTGAGATGGAGGCTCTGTCTCTGACGTCAGAGATTGTGTCTGAACCGTCCTGCTCTCTAG 5995

Qy        1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db        5996 CTCTGACGGATGACTCTTTGCCTGATGACATGCACACACTCTTACTTAGTGCCCTGGAGA 6055

Qy        1928 -----MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrV 1946
                    |||   |||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||
Db        6056 GCAATATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTG 6106

Qy        1946 alArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgA 1966
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db        6107 TGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGC 6166

Qy        1966 snGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnS 1986
               ::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6167 ATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGT 6226

Qy        1986 erGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuP 2006
               ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db        6227 CAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTC 6286

Qy        2006 roLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProL 2026
               ||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||
Db        6287 CCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCA 6346

Qy        2026 ysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaI 2046
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6347 AACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAA 6406

Qy       2046 leArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluV 2066
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       6407 TAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGG 6466

Qy       2066 alSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleG 2086
              ||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |
Db       6467 TGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCC 6526

Qy       2086 lnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaP 2106
              ||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      |||||||
Db       6527 AGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCC 6586

Qy       2106 roCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuG 2126
              |||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||
Db       6587 CTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAG 6646

Qy       2126 luLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluG 2145
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      |||||||
Db       6647 AGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGG 6706

Qy       2145 luProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgA 2165
              |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||||:::|
Db       6707 AGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGC 6766

Qy       2165·rgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuA 2185
              ||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6767 GCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGG 6826

Qy       2185 spSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuG 2205
              |||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||
Db       6827 ACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTG 6886

Qy       2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProP 2225
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       6887 GGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCC 6946

Qy       2225 roGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaP 2245
              ||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||
Db       6947 CCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTC 7006

Qy       2245 roAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerP 2265
              ||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||
Db       7007 CGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGC 7066

Qy       2265 roSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetA 2285
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::|
Db       7067 CCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGG 7126

Qy       2285 spPro 2286
              |||||
Db       7127 ACCCC 7131

RESULT 15
ADS16298
ID   ADS16298 standard; DNA; 7648 BP.
XX
AC   ADS16298;
XX
DT   02-DEC-2004  (first entry)
XX
DE   Human voltage-dependent alpha 1G subunit calcium channel (CACNA1G) DNA.
XX
KW   Voltage-dependent ion channel; drug candidate;
KW   aberrant electrical activity; muscle contraction; epilepsy; arrhythmia;
KW   anticonvulsant; antiarrhythmic; human; alpha 1G subunit; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US2004175761-A1.
XX
PD   09-SEP-2004.
XX
PF   01-MAR-2003; 2003US-00377139.
XX
PR   01-MAR-2003; 2003US-00377139.
XX
PA   (MACK/) MACKINNON R.
PA   (MACK/) MACKINNON A L.
PA   (JIAN/) JIANG Y.
PA   (RUTA/) RUTA V.
XX
PI   Mackinnon R,  Mackinnon AL,   Jiang Y,  Ruta V;
XX
DR   WPI; 2004-642122/62.
DR   REFSEQ; NM_018896.
XX
PT   Screening drug candidates that target voltage dependent ion channel
PT   protein, involves contacting screening protein with chemical compound,
PT   which is drug candidate and determining whether chemical compound binds
PT   to screening protein.
XX
PS   Disclosure; SEQ ID NO 10; 61pp; English.
XX
CC   The invention relates to the composition of matter suitable for use in
CC   identifying chemical compounds that bind to voltage-dependent ion channel
CC   proteins. The composition comprises a screening protein that consists of
CC   an ion channel voltage sensor domain of the ion channel protein
CC   immobilised on a solid support. The invention is useful for identifying
CC   chemical compounds (drug candidate) that bind to voltage-dependent ion
CC   channel proteins. The drug candidate of the invention is utilised for
CC   treating a condition mediated by aberrant electrical activity that
CC   initiates uptake or release of neurotransmitters and contraction of
CC   muscles. The drug candidate of the invention is also utilised for
CC   treating epilepsy and arrhythmia. The present sequence is a voltage-
CC   dependent calcium channel DNA.
XX
SQ   Sequence 7648 BP; 1492 A; 2419 C; 2205 G; 1532 T; 0 U; 0 Other;

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        7648
Score:                  10845.50        Matches:        2105
Percent Similarity:     89.72%         Conservative:  33
Best Local Similarity:  88.33%         Mismatches:    110
Query Match:            90.17%         Indels:        135
DB:                     13             Gaps:          7

US-09-611-257A-24 (1-2287) x ADS16298 (1-7648)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
               . ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db         62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy     173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy     193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy     213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy     233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy     253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy     273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db     722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy     293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy     313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
           |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db     842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy     333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
           ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy     353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy     373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy     393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy     413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy     433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy     453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy     473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db    1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy     493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
           ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db    1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy     513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
           |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy     533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db    1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy     553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy     573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy     593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db    1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy     613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy     633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
             ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db    1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy     653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
           ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy     673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
           |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db    1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy     693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db    1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy     713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
           |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy     733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
           |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db    2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy     753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy     773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy     793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy     813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy     833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy     853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy     873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578
```

```
Qy       893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy       913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy       933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy       953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy       973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy       993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy      1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                      |||||||||   |||||||
Db      2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy      1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db      2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy      1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
             |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy      1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
             |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db      3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy      1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
             |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy      1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
             ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy      1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy      1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy      1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db      3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy      1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy      1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db      3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy      1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db      3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy      1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
             ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db      3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy      1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
             ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy      1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy      1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy      1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy      1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy      1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy      1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy      1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy      1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy      1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy      1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy      1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy      1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy      1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy      1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy      1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy      1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
             |||||||||||||||||||||||||||||
Db      4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGCTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4735

Qy      1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
               |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4736 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 4795

Qy   1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4796 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 4855

Qy   1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4856 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 4915

Qy   1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db   4916 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 4975

Qy   1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
          ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4976 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5035

Qy   1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5036 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5095

Qy   1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5096 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5155

Qy   1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db   5156 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5215

Qy   1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5216 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5275

Qy   1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5276 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5335

Qy   1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5336 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5395

Qy   1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db   5396 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5455

Qy   1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5456 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5515

Qy   1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5516 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 5575

Qy   1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5576 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 5635

Qy   1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db   5636 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 5695

Qy   1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
          ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db   5696 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 5755

Qy   1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThr---------------------------------- 1927
          ||   |||||||||||||||||||||
Db   5756 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTGACACCATATCCCTGCTGA 5815

Qy   1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db   5816 TCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGCTGGCAGGCCCAGGGGGCC 5875
```

```
Qy   1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db   5876 AGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCGACCCACAGATCCCTCTAG 5935

Qy   1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db   5936 CTGAGATGGAGGCTCTGTCTCTGACGTCAGAGATTGTGTCTGAACCGTCCTGCTCTCTAG 5995

Qy   1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db   5996 CTCTGACGGATGACTCTTTGCCTGATGACATGCACACACTCTTACTTAGTGCCCTGGAGA 6055

Qy   1928 -----MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrV 1946
               |||   |||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||
Db   6056 GCAATATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTG 6106

Qy   1946 alArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgA 1966
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db   6107 TGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGC 6166

Qy   1966 snGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnS 1986
          ::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6167 ATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGT 6226

Qy   1986 erGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuP 2006
          ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db   6227 CAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTC 6286

Qy   2006 roLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProL 2026
          ||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||
Db   6287 CCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCA 6346

Qy   2026 ysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaI 2046
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6347 AACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAA 6406

Qy   2046 leArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluV 2066
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db   6407 TAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGG 6466

Qy   2066 alSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleG 2086
          ||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |
Db   6467 TGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCC 6526

Qy   2086 lnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaP 2106
          ||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      |||||||
Db   6527 AGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCC 6586

Qy   2106 roCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuG 2126
          |||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||
Db   6587 CTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAG 6646

Qy   2126 luLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluG 2145
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      |||||||
Db   6647 AGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGG 6706

Qy   2145 luProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgA 2165
          |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|
Db   6707 AGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGC 6766

Qy   2165 rgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuA 2185
          ||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6767 GCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGG 6826

Qy   2185 spSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuG 2205
          |||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||
Db   6827 ACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTG 6886

Qy   2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProP 2225
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db   6887 GGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCC 6946
```

```
Qy       2225 roGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaP 2245
              ||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||
Db       6947 CCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTC 7006

Qy       2245 roAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerP 2265
              ||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||
Db       7007 CGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGC 7066

Qy       2265 roSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetA 2285
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::|
Db       7067 CCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGG 7126

Qy       2285 spPro 2286
              |||||
Db       7127 ACCCC 7131

Search completed: April 28, 2005, 09:29:50
Job time : 2269 secs
```

```
                    GenCore version 5.1.6
           Copyright (c) 1993 - 2005  Compugen Ltd.


OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:          April 28, 2005, 07:51:47 ; Search time 527 Seconds
                                          (without alignments)
                                          7100.882 Million cell updates/sec

Title:           US-09-611-257A-24
Perfect score:   12028
Sequence:        1 MLPHRVPRCVRTPPLRGSAR..........KKDTLSLSGLSSDPTDMDPZ 2287

Scoring table:   BLOSUM62
                 Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                 Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                 Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                 Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:        1202784 seqs, 818138359 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      2405568

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09611257/runat_26042005_150450_14926/app_query.fasta_1.2439
-DB=Issued_Patents_NA -QFMT=fastap -SUFFIX=rni -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0
-LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi
-LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15
-MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US09611257_@CGN_1_1_112_@runat_26042005_150450_14926 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :       Issued_Patents_NA:*
                 1:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5A_COMB.seq:*
                 2:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/5B_COMB.seq:*
                 3:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6A_COMB.seq:*
                 4:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/6B_COMB.seq:*
                 5:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/PCTUS_COMB.seq:*
                 6:  /cgn2_6/ptodata/1/ina/backfiles1.seq:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                                 SUMMARIES
                 %
Result          Query
  No.   Score   Match Length DB  ID                       Description
-----------------------------------------------------------------------------
   1  11066.5   92.0   7741  3  US-09-426-998-4           Sequence 4, Appli
   2  10948.5   91.0   6822  3  US-09-426-998-3           Sequence 3, Appli
   3    10739   89.3   7405  4  US-09-949-016-3859        Sequence 3859, Ap
   4     6241   51.9   7898  3  US-08-984-709A-49         Sequence 49, Appl
   5     6103   50.7   3993  4  US-09-398-522-51          Sequence 51, Appl
   6     5420   45.1   6816  3  US-09-404-650-1           Sequence 1, Appli
   7     5420   45.1   6816  4  US-09-935-541-1           Sequence 1, Appli
   8     5420   45.1   6855  3  US-09-404-650-3           Sequence 3, Appli
   9     5420   45.1   6855  4  US-09-935-541-3           Sequence 3, Appli
  10     5407   45.0   6503  3  US-09-404-650-12          Sequence 12, Appl
  11     5407   45.0   6503  4  US-09-935-541-12          Sequence 12, Appl
  12     2055   17.1  70308  4  US-09-949-016-15601       Sequence 15601, A
  13     1974   16.4   1669  3  US-08-984-709A-51         Sequence 51, Appl
  14   1745.5   14.5   7362  1  US-08-455-543A-7          Sequence 7, Appli
  15   1745.5   14.5   7362  2  US-08-193-078B-7          Sequence 7, Appli
  16   1745.5   14.5   7362  2  US-08-223-305C-7          Sequence 7, Appli
  17   1745.5   14.5   7362  2  US-08-149-097D-7          Sequence 7, Appli
  18   1745.5   14.5   7362  3  US-08-949-386-7           Sequence 7, Appli
  19   1745.5   14.5   7362  3  US-08-450-562-7           Sequence 7, Appli
  20   1745.5   14.5   7362  3  US-08-984-709A-7          Sequence 7, Appli
  21   1745.5   14.5   7362  3  US-08-450-272-7           Sequence 7, Appli
  22   1745.5   14.5   7362  4  US-08-450-273-7           Sequence 7, Appli
  23   1743.5   14.5   7376  3  US-09-268-163-3           Sequence 3, Appli
  24   1740.5   14.5   7266  3  US-08-713-118-1           Sequence 1, Appli
  25   1740.5   14.5   7266  3  US-09-452-007-1           Sequence 1, Appli
  26   1739.5   14.5   7364  3  US-09-268-163-5           Sequence 5, Appli
  27     1727   14.4   7175  1  US-08-455-543A-8          Sequence 8, Appli
  28     1727   14.4   7175  2  US-08-193-078B-8          Sequence 8, Appli
  29     1727   14.4   7175  2  US-08-223-305C-8          Sequence 8, Appli
  30     1727   14.4   7175  2  US-08-149-097D-8          Sequence 8, Appli
  31     1727   14.4   7175  3  US-08-949-386-8           Sequence 8, Appli
  32     1727   14.4   7175  3  US-08-450-562-8           Sequence 8, Appli
  33     1727   14.4   7175  3  US-08-984-709A-8          Sequence 8, Appli
  34     1727   14.4   7175  3  US-08-450-272-8           Sequence 8, Appli
  35     1727   14.4   7175  4  US-08-450-273-8           Sequence 8, Appli
  36     1721   14.3   7177  3  US-09-268-163-7           Sequence 7, Appli
  37     1703   14.2   5975  1  US-08-404-354B-1          Sequence 1, Appli
  38     1703   14.2   5975  1  US-08-314-083B-1          Sequence 1, Appli
  39     1703   14.2   5975  1  US-08-435-675B-1          Sequence 1, Appli
  40     1703   14.2   5975  3  US-08-884-599-1           Sequence 1, Appli
  41   1699.5   14.1   6114  4  US-09-495-714C-5          Sequence 5, Appli
  42     1693   14.1   7011  3  US-09-268-163-9           Sequence 9, Appli
  43     1691   14.1   5975  1  US-08-336-257A-3          Sequence 3, Appli
  44   1683.5   14.0   5962  6  5386025-5                Patent No. 5386025
  45   1683.5   14.0   5962  6  5386025-5                Patent No. 5386025


                                 ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-426-998-4
; Sequence 4, Application US/09426998
; Patent No. 6358706
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: DUBIN, ADRIENNE E.
;  APPLICANT:  PYATI, JAYASHREE
;  APPLICANT:  ZHU, JESSICA Y
;  APPLICANT:  ERLANDER, MARK G
;  APPLICANT:  GALINDO, JOSE E
;  TITLE OF INVENTION: DNA ENCODING HUMAN ALPHA1G T-TYPE CALCIUM
;  TITLE OF INVENTION:  CHANNEL (ALPHA1G-C)
;  FILE REFERENCE: ORT-1057
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/426,998
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-26
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
;  SOFTWARE: PATENTIN VER. 2.0
; SEQ ID NO 4
;   LENGTH: 7741
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: HOMO SAPIENS
US-09-426-998-4

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         7741
Score:                  11066.50        Matches:        2134
Percent Similarity:     93.81%         Conservative:   33
Best Local Similarity:  92.38%         Mismatches:     112
Query Match:            92.01%         Indels:         31
DB:                     3              Gaps:           5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-426-998-4 (1-7741)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db        431 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 490
```

```
Qy        23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       491 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 550

Qy        43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
             |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db       551 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 610

Qy        63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
             ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       611 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 670

Qy        82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       671 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 730

Qy       102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       731 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 790

Qy       122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       791 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 850

Qy       142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       851 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 910

Qy       162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       911 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 970

Qy       182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       971 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 1030

Qy       202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1031 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 1090

Qy       222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1091 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1150

Qy       242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1151 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1210

Qy       262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1211 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1270

Qy       282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
             ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1271 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1330

Qy       302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1331 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1390

Qy       322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
             ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      1391 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1450

Qy       342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1451 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1510

Qy       362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1511 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1570

Qy       382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1571 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1630

Qy       402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1631 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1690

Qy       422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1691 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1750

Qy       442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1751 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1810

Qy       462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1811 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1870

Qy       482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
             |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db      1871 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1930

Qy       502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                     |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db      1931 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1990

Qy       522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1991 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 2050

Qy       542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2051 GGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 2110

Qy       562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db      2111 GCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCG 2170

Qy       582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2171 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2230

Qy       602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
             ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2231 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2290

Qy       622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db      2291 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2350

Qy       642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
             |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db      2351 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2410

Qy       662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db      2411 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2470

Qy       682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
             ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2471 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2530

Qy       702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
             ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db      2531 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2590

Qy       722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2591 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2650

Qy       742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
```

```
               ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2651 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2707

Qy         762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2708 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2767

Qy         782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2768 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2827

Qy         802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2828 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2887

Qy         822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2888 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2947

Qy         842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2948 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 3007

Qy         862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3008 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 3067

Qy         882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3068 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 3127

Qy         902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3128 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3187

Qy         922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3188 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3247

Qy         942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3248 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3307

Qy         962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3308 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3367

Qy         982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3368 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3427

Qy        1002 laGlu------------------------------------------------------- 1003
               |||||
Db        3428 CGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTG 3487

Qy        1004 --------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProS 1019
                             |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3488 TCGACTCCCAGGGGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCA 3547

Qy        1019 erValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisA 1039
               ||:::||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||
Db        3548 GCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACC 3607

Qy        1039 laGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetS 1059
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3608 CGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGT 3667

Qy        1059 erHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgT 1079
               ||   |||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||
Db        3668 CGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCA 3727

Qy        1079 hrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProS 1099
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||||||
Db        3728 CCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCA 3784

Qy        1099 erAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgS 1119
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3785 GCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCT 3844

Qy        1119 erSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluA 1139
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3845 CCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGC 3904

Qy        1139 rgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluG 1159
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3905 GGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAG 3964

Qy        1159 luAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluA 1179
               ||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3965 AGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGG 4024

Qy        1179 laLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaS 1199
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4025 CCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCA 4084

Qy        1199 erGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgL 1219
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4085 GTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCC 4144

Qy        1219 euAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluG 1239
               ||||||||   ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::|||||||
Db        4145 TGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGG 4204

Qy        1239 lyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysC 1259
               |||||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||
Db        4205 GCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCT 4264

Qy        1259 ysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuL 1279
               ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4265 GCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCC 4324

Qy        1279 euCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheL 1299
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4325 TGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCC 4384

Qy        1299 euAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgI 1319
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4385 TTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCA 4444

Qy        1319 lePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValL 1339
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4445 TCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGA 4504

Qy        1339 ysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnV 1359
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4505 AGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACG 4564

Qy        1359 alLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerA 1379
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4565 TGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTG 4624

Qy        1379 spSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgP 1399
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4625 ACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCC 4684

Qy        1399 roLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerS 1419
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4685 CGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCT 4744

Qy        1419 erLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyI 1439
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4745 CACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCA 4804

Qy        1439 leLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgA 1459
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4805 TCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGA 4864
```

```
Qy   1459 snIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrA 1479
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4865 ACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACA 4924

Qy   1479 snPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyT 1499
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4925 ACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTT 4984

Qy   1499 rpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetA 1519
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4985 GGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGA 5044

Qy   1519 snHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheV 1539
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5045 ACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTG 5104

Qy   1539 alLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnG 1559
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5105 TCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGG 5164

Qy   1559 luGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgA 1579
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5165 AGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAA 5224

Qy   1579 rgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5225 GGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 5284

Qy   1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5285 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 5344

Qy   1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5345 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 5404

Qy   1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db   5405 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 5464

Qy   1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
          ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5465 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5524

Qy   1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5525 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5584

Qy   1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5585 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5644

Qy   1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db   5645 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5704

Qy   1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5705 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5764

Qy   1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5765 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5824

Qy   1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5825 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5884

Qy   1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db   5885 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5944

Qy   1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5945 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 6004

Qy   1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6005 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 6064

Qy   1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6065 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 6124

Qy   1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db   6125 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 6184

Qy   1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
          ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db   6185 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 6244

Qy   1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProL 1939
          ||   ||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db   6245 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA------- 6297

Qy   1939 euGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProA 1959
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6298 --GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCA 6355

Qy   1959 snAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyT 1979
          ||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||
Db   6356 ATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCT 6415

Qy   1979 rpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspT 1999
          |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db   6416 GGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATA 6475

Qy   1999 hrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaP 2019
          |||||   |||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   ||||
Db   6476 CCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCC 6535

Qy   2019 roThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgP 2039
          |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6536 CAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGC 6595

Qy   2039 roLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerA 2059
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6596 CACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCC 6655

Qy   2059 rgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerP 2079
          ||||||||||||||:::||||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||
Db   6656 GGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTT 6715

Qy   2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
          ||||||||   ||||||   |||   ||||||   |||         ||||||:::||||
Db   6716 TCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCA 6775

Qy   2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
          |||||:::      ||||||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   ||||
Db   6776 AGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTC 6835

Qy   2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6836 CAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCC 6895

Qy   2139 eu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerV 2158
          ||   |||      ||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||
Db   6896 TGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCG 6955

Qy   2158 alGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisS 2178
          |||||   |||||||||:::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db   6956 TGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACT 7015

Qy   2178 erIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerS 2198
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:
Db        7016 CTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTA 7075

Qy        2198 erLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProP 2218
               ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        7076 ACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCCGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGC 7135

Qy        2218 roSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyV 2238
               ||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:
Db        7136 CTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTA 7195

Qy        2238 alCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProL 2258
               ::|||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||
Db        7196 TCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCC 7255

Qy        2258 euAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuS 2278
                 ||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        7256 CTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTAT 7315

Qy        2278 erSerAspProThrAspMetAspPro 2286
               |||||||||||   |||:::||||||
Db        7316 CCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 7341

RESULT 2
US-09-426-998-3
; Sequence 3, Application US/09426998
; Patent No. 6358706
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: DUBIN, ADRIENNE E.
;  APPLICANT:  PYATI, JAYASHREE
;  APPLICANT:  ZHU, JESSICA Y
;  APPLICANT:  ERLANDER, MARK G
;  APPLICANT:  GALINDO, JOSE E
;  TITLE OF INVENTION: DNA ENCODING HUMAN ALPHA1G T-TYPE CALCIUM
;  TITLE OF INVENTION:  CHANNEL (ALPHA1G-C)
;  FILE REFERENCE: ORT-1057
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/426,998
;  CURRENT FILING DATE:  1999-10-26
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 5
;  SOFTWARE: PATENTIN VER. 2.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 6822
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: HOMO SAPIENS
US-09-426-998-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6822
Score:                  10948.50        Matches:       2111
Percent Similarity:     94.03%         Conservative:  32
Best Local Similarity:  92.63%         Mismatches:    105
Query Match:            91.03%         Indels:        31
DB:                     3              Gaps:          5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-426-998-3 (1-6822)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                  ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db          62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db         842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db      1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy       493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
             ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db      1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy       513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
             |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy       533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db      1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy       553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy       573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                  ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy       593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy       613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy       633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
               ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db      1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy       653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
             ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy       673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
             |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db      1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy       693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db      1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy       713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
             |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy       733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
             |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy       753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy       773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy       793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy       813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy       833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy       853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy       873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy       893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy       913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy       933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy       953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy       973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy       993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy      1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                      |||||||||   |||||||
Db      2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy      1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db      2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy      1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
             |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy      1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
             |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db      3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy      1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
             |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy      1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
             ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy      1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy      1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy      1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db      3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy      1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535
```

```
Qy   1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db   3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy   1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db   3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy   1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
          ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db   3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy   1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
          ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy   1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy   1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy   1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy   1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy   1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy   1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy   1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy   1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy   1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy   1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy   1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy   1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy   1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy   1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy   1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy   1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnC 1590
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGT 4735

Qy   1590 ysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrS 1610
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4736 GCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCA 4795

Qy   1610 erHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaM 1630
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4796 GCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCA 4855

Qy   1630 etGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIleP 1650
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4856 TGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCT 4915

Qy   1650 heThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgP 1670
          |||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db   4916 TCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGT 4975

Qy   1670 hePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyI 1690
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4976 TCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCA 5035

Qy   1690 leThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgI 1710
          ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5036 TCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCA 5095

Qy   1710 leMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetA 1730
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5096 TCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGC 5155

Qy   1730 rgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuP 1750
          |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5156 GGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCT 5215

Qy   1750 heMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluC 1770
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5216 TCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGT 5275

Qy   1770 ysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyM 1790
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5276 GTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCA 5335

Qy   1790 etAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysA 1810
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5336 TGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGG 5395

Qy   1810 spProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleT 1830
          ||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5396 ACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCT 5455

Qy   1830 yrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValL 1850
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5456 ACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGC 5515

Qy   1850 euMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaG 1870
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5516 TGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTG 5575

Qy   1870 luLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProP 1890
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5576 AGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCT 5635

Qy   1890 heLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProH 1910
          |||||||||||||||||||||||   :::|||   |||||||||||||||||||||   |
Db   5636 TCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGC 5695

Qy   1910 isThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValP 1930
          ||      ||||||      :::||||||   ||||||||||||||||||||||||   |
Db       5696 ACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGC 5755

Qy       1930 roHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerG 1950
              ||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5756 CCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTG 5806

Qy       1950 lyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrA 1970
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       5807 GGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTG 5866

Qy       1970 laGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleL 1990
              |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db       5867 CCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCT 5926

Qy       1990 euSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValH 2010
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||
Db       5927 TGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCAC 5986

Qy       2010 isTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProP 2030
                :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db       5987 CTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCAC 6046

Qy       2030 roGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspS 2050
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6047 CAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACT 6106

Qy       2050 erLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProS 2070
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db       6107 CCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGGTGAGTGGGCCCT 6166

Qy       2070 erCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnA 2090
              ||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |||   ||||||
Db       6167 CCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCCAGGCACAGCAGC 6226

Qy       2090 rgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyL 2110
                |||         ||||||:::|||||||||:::      ||||||||||||||||||
Db       6227 ACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCCCTTGCCCAGGCC 6286

Qy       2110 euGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrG 2130
                ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6287 CAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGTTGGACACGG 6346

Qy       2130 luLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluGluProLeuPheP 2149
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||      ||||||||||||      |
Db       6347 AGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGGAGCCCCCATCCC 6406

Qy       2149 roArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyP 2169
              ||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db       6407 CACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGCGCCGGCCTACGT 6466

Qy       2169 heTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerG 2189
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6467 CCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCC 6526

Qy       2189 lnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlyS 2209
              |||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6527 AACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTGGGGGGCCCGGGA 6586

Qy       2209 erArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnG 2229
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||
Db       6587 GCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAG 6646

Qy       2229 lySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspS 2249
              ||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||||||
Db       6647 GTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACT 6706

Qy       2249 erLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysL 2269
              |||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||||||||||||||
Db       6707 CCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGA 6766

Qy       2269 ysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAspPro 2286
              |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::||||||
Db       6767 AAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGGACCCC 6819
```

```
RESULT 3
US-09-949-016-3859
; Sequence 3859, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
;  TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
;  TITLE OF INVENTION:  WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;  FILE REFERENCE: CL001307
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;  CURRENT FILING DATE:  2000-04-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;  PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 3859
;   LENGTH: 7405
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Human
US-09-949-016-3859

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:        7405
Score:                  10739.00         Matches:       2077
Percent Similarity:     92.09%          Conservative:  29
Best Local Similarity:  90.82%          Mismatches:    95
Query Match:            89.28%          Indels:        86
DB:                     4               Gaps:          5

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-949-016-3859 (1-7405)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db        281 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 340

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                 |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        341 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 400

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        401 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 460

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        461 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 520

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        521 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 580

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnPro---TrpPheGluArgValSerMetL 121
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||
Db        581 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCTACCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGT 640

Qy        121 euValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaC 141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        641 TGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCT 700

Qy        141 ysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheA 161
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        701 GTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTG 760

Qy        161 laValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuG 181
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        761 CCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGAAAAAGTGTTACCTGG 820

Qy        181 lyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerL 201
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         821 GAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGC 880

Qy         201 euAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuA 221
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         881 TGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCA 940

Qy         221 rgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuP 241
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         941 GGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGC 1000

Qy         241 roMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValG 261
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1001 CCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCG 1060

Qy         261 lyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerL 281
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1061 GCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCC 1120

Qy         281 euProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProP 301
               |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1121 TCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCT 1180

Qy         301 heIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuA 321
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1181 TCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGC 1240

Qy         321 rgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerS 341
               |||||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||||||||||||
Db        1241 GCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCA 1300

Qy         341 erAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisA 361
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1301 GCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACA 1360

Qy         361 snProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheG 381
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1361 ACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCC 1420

Qy         381 lnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerP 401
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1421 AGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCT 1480

Qy         401 heTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnL 421
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1481 TCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACC 1540

Qy         421 euCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuM 441
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1541 TGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGA 1600

Qy         441 etArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluP 461
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1601 TGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGC 1660

Qy         461 roGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaA 481
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1661 CCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCC 1720

Qy         481 rgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProV 501
               ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db        1721 GCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAG 1780

Qy         501 alAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgL 521
                          |||||||||   |||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db        1781 CACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCC 1840

Qy         521 euSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyA 541
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1841 TATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCA 1900

Qy         541 snGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlyS 561
               ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db        1901 ATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGT 1960

Qy         561 erArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgG 581
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   |
Db        1961 CCCGCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTG 2020

Qy         581 lyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysG 601
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2021 GCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCC 2080

Qy         601 lnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysV 621
               |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2081 AGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGG 2140

Qy         621 alTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValG 641
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::|||||||||||||
Db        2141 TGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAG 2200

Qy         641 luValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProP 661
               ||||||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:
Db        2201 AGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCT 2260

Qy         661 heSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysL 681
               ::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db        2261 ACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCA 2320

Qy         681 ysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProT 701
               |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2321 AGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCT 2380

Qy         701 yrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerA 721
               |||||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      |||||||||||||
Db        2381 ACTGTGCCCGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAG 2440

Qy         721 spSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProH 741
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2441 ACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCC 2500

Qy         741 isSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaP 761
               |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2501 ACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCT 2557

Qy         761 heTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgG 781
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2558 TCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGG 2617

Qy         781 lyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnP 801
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2618 GAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGC 2677

Qy         801 roGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaL 821
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2678 CCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCC 2737

Qy         821 euGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrA 841
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2738 TGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACA 2797

Qy         841 snIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyG 861
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2798 ACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGG 2857

Qy         861 lyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheL 881
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2858 GCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCC 2917

Qy         881 euProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrP 901
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2918 TGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCT 2977

Qy         901 heCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheG 921
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2978 TCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCG 3037
```

```
Qy     921 lyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspS 941
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3038 GCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACT 3097

Qy     941 erLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysV 961
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3098 CCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAG 3157

Qy     961 alLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuM 981
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3158 TCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCA 3217

Qy     981 etThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheG 1001
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3218 TGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCC 3277

Qy    1001 lnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValA 1021
           |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db    3278 AGGCGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGG 3337

Qy    1021 spGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluL 1041
           |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   ||||
Db    3338 ATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGC 3397

Qy    1041 euArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisP 1061
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db    3398 TGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGC 3457

Qy    1061 roLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerS 1081
           ||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||
Db    3458 CCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCA 3517

Qy    1081 erSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaA 1101
           |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||||||||||||
Db    3518 GCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCC 3574

Qy    1101 rgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerA 1121
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3575 GCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCC 3634

Qy    1121 rgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgS 1141
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3635 GGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGT 3694

Qy    1141 erLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspA 1161
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|
Db    3695 CCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGC 3754

Qy    1161 rgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysS 1181
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3755 GGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGA 3814

Qy    1181 erSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyA 1201
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3815 GTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCC 3874

Qy    1201 rgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaA 1221
           ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3875 GAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCC 3934

Qy    1221 rgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnL 1241
           ||   ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::|||||||||||||
Db    3935 GGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACC 3994

Qy    1241 euSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgG 1261
           |||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||||   |
Db    3995 TGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCG 4054

Qy    1261 luArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysH 1281
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4055 AGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTC 4114

Qy    1281 isArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnC 1301
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4115 ACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACT 4174

Qy    1301 ysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheL 1321
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4175 GCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCC 4234

Qy    1321 euThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValV 1341
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4235 TGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGG 4294

Qy    1341 alAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuA 1361
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4295 TGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGG 4354

Qy    1361 spGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerG 1381
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4355 ACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCG 4414

Qy    1381 lyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuA 1401
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4415 GCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCA 4474

Qy    1401 rgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuL 1421
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4475 GGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGA 4534

Qy    1421 ysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuG 1441
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4535 AACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGG 4594

Qy    1441 lyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleT 1461
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4595 GGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCA 4654

Qy    1461 hrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheA 1481
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4655 CCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTG 4714

Qy    1481 spAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValA 1501
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4715 ACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGG 4774

Qy    1501 spIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisA 1521
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4775 ACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACA 4834

Qy    1521 snProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuA 1541
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4835 ACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGA 4894

Qy    1541 snMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluG 1561
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4895 ACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAG 4954

Qy    1561 luGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerL 1581
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4955 AGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAGTA 5014

Qy    1581 ysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheA 1601
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5015 AGGAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCC 5074

Qy    1601 rgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValI 1621
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5075 GGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCA 5134

Qy    1621 leGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspG 1641
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5135 TCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATG 5194

Qy    1641 luAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheL 1661
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db         5195 AGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCA 5254

Qy         1661 ysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuA 1681
                ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5255 AACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGG 5314

Qy         1681 laIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerL 1701
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db         5315 CCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGC 5374

Qy         1701 euProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuL 1721
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5375 TGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGA 5434

Qy         1721 ysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuP 1741
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db         5435 AGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGC 5494

Qy         1741 roGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuG 1761
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5495 CCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGG 5554

Qy         1761 lyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyA 1781
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5555 GCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCC 5614

Qy         1781 rgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrG 1801
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5615 GTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAG 5674

Qy         1801 lyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrC 1821
                |||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||
Db         5675 GTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCT 5734

Qy         1821 ysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheV 1841
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5735 GCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTCG 5794

Qy         1841 alLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluA 1861
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5795 TGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACAAGGAGG 5854

Qy         1861 laLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProG 1881
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         5855 CCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCAGCCCCC 5914

Qy         1881 lnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerT 1901
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||
Db         5915 AGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCGACAGCC 5974

Qy         1901 hrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyP 1921
                  |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||||   |
Db         5975 CCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCTCCCACT 6034

Qy         1921 heSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyP 1941
                |||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||         ||||
Db         6035 TTTCCCTGGAGCACCCCACGATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGAC 6085

Qy         1941 roAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspS 1961
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6086 CAGACTTACTGACTGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACA 6145

Qy         1961 erTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyL 1981
                ||||||||||||||:::|||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||
Db         6146 GCTACATGTGTCGGCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGC 6205

Qy         1981 euProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerC 2001
                |||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6206 TCCCCAAAGCTCAGTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCT 6265

Qy         2001 ysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrT 2021
                  |||||||||||||||||||||      :::|||||||||||||||   ||||||||||
Db         6266 ACATCCTGCAGCTTCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCT 6325

Qy         2021 rpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuA 2041
                |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6326 GGGGCACCATCCCCAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCA 6385

Qy         2041 rgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluA 2061
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6386 GGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAG 6445

Qy         2061 spLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpG 2081
                ||||||||:::|||
Db         6446 ACCTGCTGGCAGAG---------------------------------------------- 6459

Qy         2081 lyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisI 2101

Db         6459 ------------------------------------------------------------ 6459

Qy         2101 leArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluT 2121

Db         6459 ------------------------------------------------------------ 6459

Qy         2121 hrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProS 2141

Db         6459 ------------------------------------------------------------ 6459

Qy         2141 erSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrG 2161
                        |||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |
Db         6460 --------GAGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCC 6511

Qy         2161 lnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaV 2181
                ||||||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         6512 AGAGCTGCCAGCGCCGGCCCACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCG 6571

Qy         2181 alSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyG 2201
                |||||||||||||||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||
Db         6572 TCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGG 6631

Qy         2201 lyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleS 2221
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db         6632 GCCAGCCTCTTGGGGGGCCTGGAGCCGGCCCAAGAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCA 6691

Qy         2221 erIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuA 2241
                ::||||||||||||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||
Db         6692 CCATAGACCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCC 6751

Qy         2241 rgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerT 2261
                ||||||||||||||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||
Db         6752 GGAGGAGGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCCTGACAGCA 6811

Qy         2261 hrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspP 2281
                 .|||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         6812 TGGCTGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACC 6871

Qy         2281 roThrAspMetAspPro 2286
                ||   |||:::||||||
Db         6872 CAGCAGACCTGGACCCC 6888

RESULT 4
US-08-984-709A-49
; Sequence 49, Application US/08984709A
; Patent No. 6320032
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Williams, Mark E.
;    APPLICANT:  Stauderman, Kenneth A.
;    APPLICANT:  Harpold, Michael M.
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN CALCIUM CHANNEL COMPOSITIONS AND
;    TITLE OF INVENTION:  METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  52
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Heller Ehrman White & McAuliffe
;      STREET:  4250 Executive Square, Suite 700
;      CITY:  La Jolla
;        STATE:  California
;        COUNTRY:  US
;        ZIP:  92037
;      COMPUTER READABLE FORM:
;        MEDIUM TYPE:  Diskette
;        COMPUTER:  IBM Compatible
;        OPERATING SYSTEM:  DOS
;        SOFTWARE:  FastSEQ Version 1.5
;      CURRENT APPLICATION DATA:
;        APPLICATION NUMBER:  US/08/984,709A
;        FILING DATE:  02-DEC-1997
;        CLASSIFICATION:  435
;      ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;        NAME:  Seidman, Stephanie L.
;        REGISTRATION NUMBER:  33,779
;        REFERENCE/DOCKET NUMBER:  24735-9815 (formerly 6362-9815)
;      TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;        TELEPHONE:  (619) 450-8400
;        TELEFAX:  (619) 587-5360
;    INFORMATION FOR SEQ ID NO:  49:
;      SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;        LENGTH:  7898 base pairs
;        TYPE:  nucleic acid
;        STRANDEDNESS:  double
;        TOPOLOGY:  linear
;      MOLECULE TYPE:  cDNA
;      HYPOTHETICAL:  NO
;      ANTI-SENSE:  NO
;      FRAGMENT TYPE:
;      ORIGINAL SOURCE:
;      FEATURE:
;        NAME/KEY:  Coding Sequence
;        LOCATION:  249...7307
;        OTHER INFORMATION:
US-08-984-709A-49

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:         7898
Score:                   6241.00        Matches:        1385
Percent Similarity:      64.96%         Conservative:   209
Best Local Similarity:   56.44%         Mismatches:     537
Query Match:             51.89%         Indels:         325
DB:                      3              Gaps:           64

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-08-984-709A-49 (1-7898)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||   |||   ||||||      |||   |||      ||||||:::   ||||||
Db        188 CCCGGGCGATGCCCGCGGGGACGCCGCCGGCCAGCAGAGCGAGGTGCTGC-CGGCCG--- 243

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGly------------------------Trp 34
                    ||||||   ||||||   |||   |||                        |||
Db        244 ------CCACCATGACCGAGG---GCGCACGGGCCGCCGACGAGGTCCGGGTGCCCCTGG 294

Qy         35 ThrArgArg---------------------------ArgMetGluArgAlaProArgSer 45
                 ||||||                           |||      |||||||||
Db        295 GCGCGCCGCCCCCTGGCCCTGCGGCGTTGGTGGGGGCGTCCCCGGAGAGCCCCGGGGCGC 354

Qy         46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
              ||||||:::      :::         |||:::   |||      |||   |||
Db        355 CGGGACGCGAGGCGGAGCGGGGGTCCGAGCTCGGCGTGTCACCCTCCGAGAGCCCG-GCG 413

Qy         66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
              |||         |||:::                     |||   :::   :::||||||
Db        414 GCC---------GAGCGCGGCGCGGAGCTGGGTGCCGACGAGGAGCAGCGCGTCCCGTAC 464

Qy         86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
              ||||||||||||      |||||||||   |||   |||   :::|||||||||||||||
Db        465 CCGGCCTTGGCGGCCACGGTCTTCTTCTGCCTCGGTCAGACCACGCGGCCGCGCAGCTGG 524

Qy        106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
              |||||||||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|||
Db        525 TGCCTCCGGCTGGTCTGCAACCCATGGTTCGAGCACGTGAGCATGCTGGTAATCATGCTC 584
```

```
Qy        126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||:::|||
Db        585 AACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCCTGTGAGGACGTTGAGTGCGGCTCCGAGCGC 644

Qy        146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
              |||   ||||||:::|||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        645 TGCAACATCCTGGAGGCCTTTGACGCCTTCATTTTCGCCTTTTTGCGGTGGAGATGGTC 704

Qy        166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
              :::||||||||||||||||||:::||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        705 ATCAAGATGGTGGCCTTGGGGCTGTTCGGGCAGAAGTGTTACCTGGGTGACACGTGGAAC 764

Qy        186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||
Db        765 AGGCTGGATTTCTTCATCGTCGTGGCGGGCATGATGGAGTACTCGTTGGACGGACACAAC 824

Qy        206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
              ||||||   ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        825 GTGAGCCTCTCGGCTATCAGGACCGTGCGGGTGCTGCGGCCCCTCCGCGCCATCAACCGC 884

Qy        226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        885 GTGCCTAGCATGCGGATCCTGGTCACTCTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTCGGGAAC 944

Qy        246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        945 GTCCTTCTGCTGTGCTTCTTCGTCTTCTTCATTTTCGGCATCGTTGGCGTCCAGCTCTGG 1004

Qy        266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
              ||||||||||||||||||||||||||||||         |||            ::::::
Db       1005 GCTGGCCTCCTGCGGAACCGCTGCTTCCTGGACAGTGCCTTTGTCAGGAACAACAACCTG 1064

Qy        286 Asp---LeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSer 304
                    |||   ||||||||||||||||||      :::|||:::|||||||||||||||
Db       1065 ACCTTCCTGCGGCCGTACTACCAGACGGAGGAGGGCGAGGAGAACCCGTTCATCTGCTCC 1124

Qy        305 GlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGly 324
                    |||:::|||||||||:::   |||      :::|||         |||
Db       1125 TCACGCCGAGACAACGGCATGCAGAAGTGCTCGCACATCCCC---------GGCCGCCGC 1175

Qy        325 GlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsn------------------ 338
                          ||||||:::|||   :::|||   |||
Db       1176 GAGCTGCGCATGCCCTGCACCCTGGGCTGGGAGGCCTACACGCAGCCGCAGGCCGAGGGG 1235

Qy        339 ---SerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                    ::::::         |||:::||||||||||||||||||      |||   :::
Db       1236 GTGGGCGCTGCACGCAACGCCTGCATCAACTGGAACCAGTACTACAACGTGTGCCGCTCG 1295

Qy        358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
              |||:::   ||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 GGTGACTCCAACCCCCACAACGGTGCCATCAACTTCGACAACATCGGCTACGCCTGGATT 1355

Qy        378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       1356 GCCATCTTCCAGGTGATCACGCTGGAAGGCTGGGTGGACATCATGTACTACGTCATGGAC 1415

Qy        398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1416 GCCCACTCATTCTACAACTTCATCTATTTCATCCTGCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTC 1475

Qy        418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1476 ATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCGGAGACGAAGCAGCGGGAG 1535

Qy        438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
              ||||||||||||||||||||||||   |||   |||||||||   |||||||||||||||
Db       1536 AGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGGGCACGCCACCTGTCCAACGACAGCACGCTGGCCAGC 1595

Qy        458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   :::|||   |||
Db       1596 TTCTCCGAGCCTGGCAGCTGCTACGAAGAGCTGCTGAAGTACGTGGGCCACATATTCCGC 1655
```

```
Qy       478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
             |||      ||||||      ::::::                  |||
Db      1656 AAGGTCAAGCGGCGCAGCTTGCGCCTCTACGCCCGCTGGCAGAGCCGCTGGCGCAAGAAG 1715

Qy       498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
                   |||   |||      ||||||   |||
Db      1716 GTGGACCCCAGTGCTGTGCAAGGCCAGGGTCCC------------------------GGG 1751

Qy       518 HisArgArg---------------------LeuSerValHisHisLeuVal---HisHis 529
             ||||||:::                        ||||||||||||||||||   ||||||
Db      1752 CACCGCCAGCGCCGGGCAGGCAGGCACACAGCCTCGGTGCACCACCTGGTCTACCACCAC 1811

Qy       530 HisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAla 549
             |||||||||||||||||||||||||||      :::|||:::   |||   |||
Db      1812 CATCACCACCACCACCACCACTACCATTTCAGCCATGGCAGCCCCCGCAGGCCCGGCCCC 1871

Qy       550 SerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeu------Pro 567
                |||         |||                     ||||||:::
Db      1872 GAGCCAGGCGCCTGCGAC---------------------ACCAGGCTGGTCCGAGCTGGCGCG 1913

Qy       568 ProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSer 587
             |||||||||   |||:::|||      |||||||||      ||||||||||||||||||
Db      1914 CCCCCCTCGCCACCTTCCCCAGGCCGCGGACCCCCC---GACGCAGAGTCTGTGCACAGC 1970

Qy       588 PheTyrHisAlaAspCysHisLeuGlu------ProValArgCysGlnAlaProProPro 605
                ||||||||||||||||||:::|||            |||   :::
Db      1971 ATCTACCATGCCGACTGCCACATAGAGGGGCCGCAGGAGAGGGCCCGGGTGGCACATGCC 2030

Qy       606 ArgCysProSerGluAlaSerGlyArg---ThrValGlySerGlyLysVal---TyrPro 623
                      :::   ||||||   |||         |||   |||   :::   ||||||
Db      2031 GCAGCCACTGCCGCTGCCAGCCTCAGGCTGGCCACAGGGCTGGGCACCATGAACTACCCC 2090

Qy       624 ThrVal------------------------------HisThrSerProProProGluIle 633
             |||:::                                 |||||||||   |||:::
Db      2091 ACGATCCTGCCCTCAGGGGTGGGCAGCGGCAAAGGCAGCACCAGCCCCGGACCCAAG--- 2147

Qy       634 LeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerPro------------------Gly 647
                                  :::   |||      |||                  |||
Db      2148 ------------------GGGAAGTGGGCCGGTGGACCGCCAGGCACCGGGGGGCACGGC 2189

Qy       648 ProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeu 667
             |||   :::|||   |||            |||   |||:::      :::      :::
Db      2190 CCGTTGAGCTTGAACAGC------------CCTGATCCCTACGAGAAGATCCCGCATGTG 2237

Qy       668 LeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys------HisSerSer---------------Cys 680
             :::               |||            |||   |||               |||
Db      2238 GTCGGGGAGCATGGACTGGGCCAGGCCCCTGGCCATCTGTCGGGCCTCAGTGTGCCCTGC 2297

Qy       681 LysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysPro 700
                :::   ||||||         |||   :::      |||         |||||||||
Db      2298 CCCCTGCCCAGCCCC------CCAGCGGGCACACTGACCTGTGAGCTGAAGAGCTGCCCG 2351

Qy       701 TyrCysAlaArgThr---GlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAsp 719
             ||||||   |||               |||   |||   :::               |||
Db      2352 TACTGCACCCGTGCCCTGGAGGACCCGGAGGGTGAGCTCAGCGGCTCGGAAAGTGGAGAC 2411

Qy       720 SerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAsp 739
             ||||||         |||||||||||||||||||||   :::|||   |||      |||
Db      2412 TCAGATGGCCGTGGCGTCTATGAATTCACGCAGGACGTCCGGCACGGTGACCGCTGGGAC 2471

Qy       740 Pro------------------------------------------------HisSerArg 743
             |||                                                      |||
Db      2472 CCCACGCGACCACCCCGTGCGACGGACACACCAGGCCCAGGCCCAGGCAGCCCCCAGCGG 2531

Qy       744 ArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArg 763
             |||   |||:::         |||      ||||||      :::         |||
Db      2532 CGGGCACAGCAGAGGGCAGCCCCG---GGCGAGCCAGGCTGGATGGGCCGCCTCTGGGTT 2588

Qy       764 LeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMet 783
                               |||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||
Db      2589 ACCTTCAGCGGCAAGCTGCGCCGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAGCCGTGGCATCATG 2648

Qy       784 IleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGlu 803
             :::||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db      2649 ATGGCCATCCTTGTCAACACGCTGAGCATGGGCGTGGAGTACCATGAGCAGCCCGAGGAG 2708

Qy       804 LeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMet 823
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db      2709 CTGACTAATGCTCTGGAGATCAGCAACATCGTGTTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATG 2768

Qy       824 LeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePhe 843
             |||||||||||||||      ||||||   |||||||||:::||||||||||||||||||
Db      2769 CTGCTGAAGCTGCTGGCCTGCGGCCCTCTGGGCTACATCCGGAACCCGTACAACATCTTC 2828

Qy       844 AspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeu 863
             ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db      2829 GACGGCATCATCGTGGTCATCAGCGTCTGGGAGATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCTTG 2888

Qy       864 SerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAla 883
             ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2889 TCTGTGCTGCGCACCTTCCGGCTGCTGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTTCTGCCAGCC 2948

Qy       884 LeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMet 903
             |||:::||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2949 CTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTGGTGAAGACCATGGACAACGTGGCTACCTTCTGCACG 3008

Qy       904 LeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLys 923
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3009 CTGCTCATGCTCTTCATTTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCACCTTTTCGGCTGCAAG 3068

Qy       924 PheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeu 942
             |||:::   :::   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      3069 TTCAGCCTGAAGACAGACACCGGAGACACCGTGCCTGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTG 3128

Qy       943 LeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeu 962
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db      3129 CTGTGGGCCATCGTCACCGTGTTCCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACGTGGTCCTG 3188

Qy       963 TyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThr 982
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db      3189 TACAACGGCATGGCCTCCACCTCCTCCTGGGCCGCCCTCTACTTCGTGGCCCTCATGACC 3248

Qy       983 PheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAla 1002
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3249 TTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTGGCCATCCTCGTGGAGGGCTTCCAGGCG 3308

Qy      1003 GluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGly 1022
             ||||||||||||   :::|||:::::::::   |||      |||         :::
Db      3309 GAGGGCGATGCCAACAGATCCGACACGGACGAGGACAAGACGTCGGTCCACTTCGAGGAG 3368

Qy      1023 AspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeu--------------------- 1035
             |||      :::   :::   |||            |||
Db      3369 GACTTCCACAAGCTCAGAGAACTCCAGACCACAGAGCTGAAGATGTGTTCCCTGGCCGTG 3428

Qy      1036 ------GlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr 1053
                         |||   |||   |||   ||||||   ||||||||||||:::   |||
Db      3429 ACCCCCAACGGCACCTGGAGGGACGAGGCAGCCTGTCCCCTCCCCTCATCATGTGCACA 3488

Qy      1054 AlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSer---ThrGlyValGlyGluAlaLeu 1072
             |||||||||||||||      ||||||||||||                     :::|||
Db      3489 GCTGCCACGCCCATGCCTACCCCCAAGAGCTCACCATTCCTGGATGCAGCCCCCAGCCTC 3548

Qy      1073 GlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHis 1092
                         |||   :::||||||||||||            |||
Db      3549 CCAGACTCTCGGCGTGGCAGCAGCAGCTCCGGGGACCCGCCACTGGGA------------ 3596

Qy      1093 GluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSer 1112
             :::   |||   |||   |||   ||||||||||||   :::||||||      :::
Db      3597 GACCAGAAGCCTCCGGCCAGCCTCCGAAGTTCTCCCTGTGCCCCCTGGGGCCCCAGTGGC 3656

Qy      1113 SerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArg 1132
             :::|||:::|||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3657 GCCTGGAGCAGCCGGCGCTCCAGCTGGAGCAGCCTGGGCCGTGCCCCCAGCCTCAAGCGC 3716

Qy      1133 ArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAsp 1152
             |||         |||||||||   |||||||||||||||||||||:::   |||   |||
Db       3717 CGCGGCCAGTGTGGGGAACGTGAGTCCCTGCTGTCTGGCGAGGGCAAGGGCAGCACCGAC 3776

Qy       1153 GluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAla------GlySerAspHisArg 1170
              :::|||      :::|||:::   ||||||:::|||            :::      |||
Db       3777 GACGAA------GCTGAGGACGGCAGGGCCGCGCCCGGGCCCCGTGCCACCCCACTGCGG 3830

Qy       1171 HisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeu--- 1189
                       ||||||:::                        |||||| . |||
Db       3831 CGGGCCGAGTCCCTGGACCCACGGCCCCTGCGGCCGGCCGCCCTCCCGCCTACCAAGTGC 3890

Qy       1190 ---------------GlnValProGlyLeuHis---------------ArgThrAlaSer 1199
                             ||||||      |||                  |||      |||
Db       3891 CGCGATCGCGACGGGCAGGTGGTGGCCCTGCCCAGCGACTTCTTCCTGCGCATCGACAGC 3950

Qy       1200 GlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
                 |||      |||:::|||      |||   :::      |||         ||||||
Db       3951 CACCGTGAGGATGCAGCCGAGCTTGACGACGACTCGGAGGACAGCTGCTGCCTCCGCCTG 4010

Qy       1220 AlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGly 1239
                 :::   |||            ||||||
Db       4011 CATAAAGTGCTGGAGCCCTACAAGCCCCAG------------------------------ 4040

Qy       1240 AsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCys 1259
                                            |||                        |||
Db       4041 ------------------------------TGG------------------------TGC 4046

Qy       1260 ArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeu 1279
              |||   |||::::::|||:::   |||:::|||   ||||||:::|||||||||:::
Db       4047 CGGAGCCGCGAGGCCTGGGCCCTCTACCTCTTCTCCCCACAGAACCGGTTCCGCGTCTCC 4106

Qy       1280 CysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeu 1299
              |||   ::::::||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db       4107 TGCCAGAAGGTCATCACACACAAGATGTTTGATCACGTGGTCCTCGTCTTCATCTTCCTC 4166

Qy       1300 AsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIle 1319
              ||||||:::|||||||||:::|||||||||   |||||||||   |||   ||||||:::
Db       4167 AACTGCGTCACCATCGCCCTGGAGAGGCCTGACATTGACCCCGGCAGCACCGAGCGGGTC 4226

Qy       1320 PheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLys 1339
              ||||||::::::|||||||||||||||||||||:::|||:::|||||||||   ||||||
Db       4227 TTCCTCAGCGTCTCCAATTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGCGGAGATGATGGTGAAG 4286

Qy       1340 ValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnVal 1359
              |||||||||||||||         ||||||   |||||||||:::||||||||||||:::
Db       4287 GTGGTGGCCCTGGGGCTGCTGTCCGGCGAGCACGCCTACCTGCAGAGCAGCTGGAACCTG 4346

Qy       1360 LeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAsp 1379
              |||||||||||||||||||||:::|||::::::||||||:::|||:::|||   |||
Db       4347 CTGGATGGGCTGCTGGTGCTGGTGTCCCTGGTGGACATTGTCGTGGCCATGGCCTCGGCT 4406

Qy       1380 SerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgPro 1399
                 |||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4407 GGTGGCGCCAAGATCCTGGGTGTTCTGCGCGTGCTGCGTCTGCTGCGGACCCTGCGGCCT 4466

Qy       1400 LeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSer 1419
              |||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       4467 CTAAGGGTCATCAGCCGGGCCCCGGGCCTCAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATATCGTCG 4526

Qy       1420 LeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIle 1439
              |||:::||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4527 CTCAGGCCCATTGGGAACATCGTCCTCATCTGCTGCGCCTTCTTCATCATTTTTGGCATC 4586

Qy       1440 LeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsn 1459
              ||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||:::|||   ||||||||||||
Db       4587 TTGGGTGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTACTACTGCGAGGGCCCCGACACCAGGAAC 4646

Qy       1460 IleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsn 1479
              |||:::   |||:::   |||      |||   |||||||||||||||   |||||||||
Db       4647 ATCTCCACCAAGGCACAGTGCCGGGCCGCCCACTACCGCTGGGTGCGACGCAAGTACAAC 4706

Qy       1480 PheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrp 1499
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db       4707 TTCGACAACCTGGGCCAGGCCCTGATGTCGCTGTTCGTGCTGTCATCCAAGGATGGATGG 4766

Qy       1500 ValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsn 1519
              |||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||
Db       4767 GTGAACATCATGTACGACGGGCTGGATGCCGTGGGTGTCGACCAGCAGCCTGTGCAGAAC 4826

Qy       1520 HisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheVal 1539
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       4827 CACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTCGTG 4886

Qy       1540 LeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGlu 1559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4887 CTCAACATGTTCGTGGGCGTCGTGGTCGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAGGAG 4946

Qy       1560 GluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg 1579
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||||
Db       4947 GCGGAGGAGGCGCGGCGGCGAGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTAGAGAGGAGGCGCAGG 5006

Qy       1580 SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArg 1599
              |||                  |||||||||   :::|||||||||:::|||||||||
Db       5007 AGCACTTTCCCCAGC---CCAGAGGCCCAGCGCCGGCCCTACTATGCCGACTACTCGCCC 5063

Qy       1600 PheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGly 1619
                .|||      :::|||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5064 ACGCGCCGCTCCATTCACTCGCTGTGCACCAGCCACTATCTCGACCTCTTCATCACCTTC 5123

Qy       1620 ValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeu 1639
              :::|||   :::||||||:::||||||:::||||||||||||   ||||||:::   |||
Db       5124 ATCATCTGTGTCAACGTCATCACCATGTCCATGGAGCACTATAACCAACCCAAGTCGCTG 5183

Qy       1640 AspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerVal 1659
              |||||||||||||||   |||||||||:::||||||::::::||||||||||||:::
Db       5184 GACGAGGCCCTCAAGTACTGCAACTACGTCTTCACCATCGTGTTTGTCTTCGAGGCTGCA 5243

Qy       1660 PheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAsp 1679
                 |||||||||||||||   |||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||
Db       5244 CTGAAGCTGGTAGCATTTGGGTTCCGTCGGTTCTTCAAGGACAGGTGGAACCAGCTGGAC 5303

Qy       1680 LeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeu 1699
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||::::::
Db       5304 CTGGCCATCGTGCTGCTGTCACTCATGGGCATCACGCTGGAGGAGATAGAGATGAGCGCC 5363

Qy       1700 SerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgVal 1719
              :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5364 GCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGCGCGTGCTTCGCATTGCCCGTGTG 5423

Qy       1720 LeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAla 1739
              |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::||||||
Db       5424 CTGAAGCTGCTGAAGATGGCTACGGGCATGCGCGCCCTGCTGGACACTGTGGTGCAAGCT 5483

Qy       1740 LeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAla 1759
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       5484 CTCCCCCAGGTGGGGAACCTGGGCCTTCTTTTCATGCTCCTGTTTTTTATCTATGCTGCG 5543

Qy       1760 LeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeu 1779
              |||||||||||||||||||||   |||||||||   |||   :::|||||||||||||||
Db       5544 CTGGGAGTGGAGCTGTTCGGGAGGCTGGAGTGCAGTGAAGACAACCCCTGCGAGGGCCTG 5603

Qy       1780 GlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSer 1799
                 |||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5604 AGCAGGCACGCCACCTTCAGCAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACGCTGTTCCGCGTGTCC 5663

Qy       1800 ThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---------Asp 1816
              |||||||||||||||||||||||||||||||||      |||:::|||         |||
Db       5664 ACGGGGGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGCGAGTGCTCCCGTGAGGAC 5723

Qy       1817 GlnGluSerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeu 1836
              :::            |||         :::||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db       5724 AAGCACTGCCTGAGCTACCTGCCGGCCCTGTCGCCCGTCTACTTCGTGACCTTCGTGCTG 5783

Qy       1837 ThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGlu 1856
                 |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db       5784 GTGGCCCAGTTCGTGCTGGTGAACGTGGTGGTGGCCGTGCTCATGAAGCACCTGGAGGAG 5843
```

```
Qy      1857 SerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLys 1876
             |||||||||||||||:::|||:::|||||||||:::||||||:::||||||||||||
Db      5844 AGCAACAAGGAGGCACGGGAGGATGCGGAGCTGGACGCCGAGATCGAGCTGGAGATGGCG 5903

Qy      1877 ThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGlu 1896
                                                                |||
Db      5904 ------------------------------------------------CAGGGCCCCGGG 5915

Qy      1897 GlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGly 1916
                            |||:::   :::|||
Db      5916 AGTGCACGCCGGGTGGACGCGGACAGGCCT------------------------------ 5945

Qy      1917 AlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValPro 1936
                                                    |||   |||:::|||   |||
Db      5946 ---------------------------------------CCCTTGCCCCAGGAGAGTCCG 5966

Qy      1937 ValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSer 1956
                                  |||      ||||||      |||||||||      |||
Db      5967 GGCGCCAGGGATGCCCCAAACCTGGTTGCACGCAAGGTGTCCGTGTCCAGGATGCTCTCG 6026

Qy      1957 LeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAla------------------ 1970
             |||||||||||||||||||||   |||            |||
Db      6027 CTGCCCAACGACAGCTACATGTTCAGGCCCGTGGTGCCTGCCTCGGCGCCCCACCCCCGC 6086

Qy      1971 ---------GluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGly 1987
                      |||      :::         |||   |||   |||            |||
Db      6087 CCGCTGCAGGAGGTGGAGATGGAGACCTATGGGGCCGGCACCCCC---------TTGGGC 6137

Qy      1988 SerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLys 2007
             |||:::   ||||||||||||   ||||||::::::  .      ||||||:::|||
Db      6138 TCCGTTGCCTCTGTGCACTCTCCGCCCGCAGAGTCCTGTGCCTCCCTCCAGATCCCACTG 6197

Qy      2008 AspValHis---------------------------TyrLeuLeuGlnProHisGlyAla 2018
                |||                              :::   |||   |||   |||
Db      6198 GCTGTGTCGTCCCCAGCCAGGAGCGGCGAGCCCCTCCACGCCCTGTCCCCTCGGGGCACA 6257

Qy      2019 ProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArg 2038
                                                    |||||||||         |||
Db      6258 ------------------------------------GCCCGCTCCCCCAGTCTCAGCCGG 6281

Qy      2039 ProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySer 2058
                |||   ||||||   |||:::   ||||||||||||:::   :::   :::   |||
Db      6282 CTGCTCTGCAGACAGGAGGCTGTGCACACCGATTCCTTGGAAGGGAAG---ATTGACAGC 6338

Qy      2059 ArgGluAspLeuLeuSerGluVal------------SerGlyProSerCysProLeuThr 2074
                   |||   |||                           |||      |||:::|||
Db      6339 CCTAGGGACACCCTGGATCCTGCAGAGCCTGGTGAGAAAACCCCGGTGAGGCCGGTGACC 6398

Qy      2075 ArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGln 2094
             :::                  |||   |||:::|||         ||||||
Db      6399 CAG------------------GGGGGCTCCCTGCAGTCCCCACCACGCTCCCCACGGCCC 6440

Qy      2095 SerLysVal------SerLysHis------------------IleArgLeuProAlaPro 2106
             :::   |||         ||||||                  :::
Db      6441 GCCAGCGTCCGCACTCGTAAGCATACCTTCGGACAGCACTGCGTCTCCAGCCGGCCGGCG 6500

Qy      2107 CysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGlu 2126
                ||||||   |||   :::   |||   ||||||
Db      6501 GCCCCAGGCGGAGAGGAGGCCGAGGCCTCGGACCCA------------------------ 6536

Qy      2127 LeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuPro---SerSerGlnGluGlu 2145
                |||   |||:::|||   |||:::            |||               |||
Db      6537 GCCGACGAGGAGGTCAGCCACATCACCAGCTCCGCCTGCCCCTGGCAGCCCACAGCCGAG 6596

Qy      2146 ProLeuPhePro---------------------------ArgAspLeuLysLysCysTyr 2156
             |||      |||                           |||||||||::::::   |||
Db      6597 CCCCATGGCCCCGAAGCCTCTCCGGTGGCCGGCGGCGAGCGGGACCTGCGCAGGCTCTAC 6656

Qy      2157 SerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArg 2176
             ||||||:::   |||            :::||||||         |||||||||   |||
Db      6657 AGCGTGGACGCTCAGGGCTTCCTGGACAAGCCGGGC---CGGGCAGACGAGCAGTGGCGG 6713

Qy      2177 HisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerPro 2196
                |||               |||   ||||||                  |||
Db      6714 CCCTCGGCGGAG---------CTGGGCAGCGGGGAG---------------CCTGGGGAG 6749

Qy      2197 SerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyPro------GlySerArgProLysLysLys 2214
             :::         |||   |||         |||      |||:::|||   |||||||||
Db      6750 GCGAAGGCCTGGGGC---CCTGAGGCCGAGCCCGCTCTGGGTGCGCGCAGAAAGAAGAAG 6806

Qy      2215 LeuSerProProSerIleSerIleAspProPro---GluSerGlnGlySer---ArgPro 2232
             :::|||||||||   ||||||::::::||||||   |||   :::||||||   ||||||
Db      6807 ATGAGCCCCCCCTGCATCTCGGTGGAACCCCCTGCGGAGGACGAGGGCTCTGCGCGGCCC 6866

Qy      2233 ProCysSerProGly------ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLys 2250
                   :::   |||            ||||||||||||   |||:::   ::::::
Db      6867 TCCGCGGCAGAGGGCGGCAGCACCACACTGAGGCGCAGGACCCCGTCCTGTGAGGCCACG 6926

Qy      2251 AspProSerValSer---SerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerPro------ 2267
                         |||      |||   :::   :::   |||         |||
Db      6927 CCTCACAGGGAATCCCTGGAGCCCACAGAGGGCTCAGGCGCCGGGGGGACCCTGCAGCC 6986

Qy      2268 ------------------------------LysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
                                           :::   :::   |||::::::
Db      6987 AAGGGGGAGCGCTGGGGCCAGGCCTCCTGCCGGGCTGAGCACCTGACCGTCCCCAGCTTT 7046

Qy      2278 SerSerAspProThrAspMet---------------AspPro 2286
             :::   :::|||   |||:::               ||||||
Db      7047 GCCTTTGAGCCGCTGGACCTCGGGGTCCCCAGTGGAGACCCT 7088

RESULT 5
US-09-398-522-51
; Sequence 51, Application US/09398522
; Patent No. 6783933
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Issa, Jean-Pierre
;  TITLE OF INVENTION: CACNA1G POLYNUCLEOTIDE POLYPEPTIDE AND
;  TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREFOR
;  FILE REFERENCE: JHU1590
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/398,522
;  CURRENT FILING DATE: 1999-09-15
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 120
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 51
;   LENGTH: 3993
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial Sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: CAGNA1G - a gene encoding a T-type calcium channel
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (373)...(3993)
US-09-398-522-51

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        3993
Score:                  6103.00        Matches:       1173
Percent Similarity:     95.49%         Conservative:  12
Best Local Similarity:  94.52%         Mismatches:    52
Query Match:            50.74%         Indels:        4
DB:                     4              Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-398-522-51 (1-3993)

Qy         3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
             |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db       281 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 340

Qy        23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       341 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 400

Qy        43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
             |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db       401 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 460
```

```
Qy          63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
               ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         461 GCCGGCCGGGGCCGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 520

Qy          82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         521 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 580

Qy         102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db         581 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 640

Qy         122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         641 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 700

Qy         142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         701 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 760

Qy         162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         761 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 820

Qy         182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         821 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 880

Qy         202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         881 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 940

Qy         222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         941 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1000

Qy         242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1001 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1060

Qy         262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1061 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1120

Qy         282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
               ||||||||||||||||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1121 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1180

Qy         302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1181 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1240

Qy         322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
               ||:::|||||||||||||||||||||    |||||||||||    |||||||||||||||
Db        1241 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1300

Qy         342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1301 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1360

Qy         362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1361 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1420

Qy         382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1421 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1480

Qy         402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1481 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1540

Qy         422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1541 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1600

Qy         442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1601 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1660

Qy         462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1661 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1720

Qy         482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
               |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db        1721 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1780

Qy         502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                       |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db        1781 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1840

Qy         522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1841 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 1900

Qy         542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
               |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1901 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 1960

Qy         562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
               ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db        1961 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCG 2020

Qy         582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2021 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2080

Qy         602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
               ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2081 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2140

Qy         622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
               ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db        2141 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2200

Qy         642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
               |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db        2201 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2260

Qy         662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||||||||
Db        2261 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2320

Qy         682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
               ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2321 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2380

Qy         702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
               ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db        2381 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2440

Qy         722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2441 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2500

Qy         742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
               ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2501 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2557

Qy         762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2558 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2617

Qy         782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2618 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2677

Qy        802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2678 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2737

Qy        822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2738 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2797

Qy        842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2798 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2857

Qy        862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2858 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2917

Qy        882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2918 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 2977

Qy        902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2978 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3037

Qy        922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3038 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3097

Qy        942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3098 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3157

Qy        962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3158 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3217

Qy        982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3218 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3277

Qy       1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
              ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3278 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3337

Qy       1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
              ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db       3338 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3397

Qy       1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db       3398 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3457

Qy       1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
              |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db       3458 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3517

Qy       1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
              ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       3518 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3574

Qy       1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3575 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3634

Qy       1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3635 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3694

Qy       1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3695 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3754

Qy       1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3755 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3814

Qy       1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3815 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3874

Qy       1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3875 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3934

Qy       1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeu 1241
                ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::|||||||||||||||
Db       3935 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTG 3993

RESULT 6
US-09-404-650-1
; Sequence 1, Application US/09404650
; Patent No. 6309858
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT: McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION: AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  CURRENT FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 6816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6716)
US-09-404-650-1

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6816
Score:                  5420.00        Matches:       1223
Percent Similarity:     61.74%         Conservative:  234
Best Local Similarity:  51.82%         Mismatches:    494
Query Match:            45.06%         Indels:        413
DB:                     3              Gaps:          60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-404-650-1 (1-6816)

Qy         12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
              :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db        207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy         26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
              ||||||||||||
Db        267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy         46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                    ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db        279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy         66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                ||||||                           :::|||:::
Db        327 ------------------GATCCT---------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy         86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
              |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db        345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy        106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
              |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db        405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464
```

```
Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy         498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
               |||
Db        1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy         518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                  ||||||   ::::::
Db        1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy         538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                      ||||||
Db        1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy         558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                          |||   |||:::   |||   |||
Db        1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy         578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                   ||||||            ||||||
Db        1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy         598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                        |||      |||         |||   :::|||
Db        1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy         618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                 |||   ||||||
Db        1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy         638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                  ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db        1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy         658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                                 :::      |||         |||
Db        1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy         677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
               |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db        1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy         697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                  |||                  :::      ||||||   |||:::
Db        1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy         717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                     |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db        1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy         737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
               |||                        |||                  |||:::   :::
Db        1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy         757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                     |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db        1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy         775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
               ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db        2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy         795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
               ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db        2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy         815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
               |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db        2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy         835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
```

```
            |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db     2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy      855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
            ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db     2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy      875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
            ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db     2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy      895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy      915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
            ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db     2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy      934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy      954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
            ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db     2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy      974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
            :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy      994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db     2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy     1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
            |||      |||   ::::::                              |||
Db     2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy     1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
            ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db     2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy     1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
            ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db     2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGACCTGCC--- 2885

Qy     1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
               |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db     2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy     1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
            |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db     2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy     1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
            :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db     2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy     1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
            |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db     3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy     1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
               ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db     3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy     1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
            |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db     3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy     1170 ---------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                       ||||||   :::|||      :::   :::
```

```
Db     3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy     1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
            |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db     3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy     1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
            ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db     3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy     1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
            |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db     3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy     1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
               :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db     3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy     1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
            |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db     3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy     1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
            ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db     3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy     1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
            |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db     3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy     1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
            ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db     3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy     1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
            |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy     1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
            ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db     3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy     1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                  |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy     1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
            ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy     1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
            |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy     1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
            |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db     4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy     1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
            ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db     4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy     1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy     1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
            ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db     4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy     1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db     4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349
```

```
Qy          1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy          1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
                 |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy          1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
                 |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db          4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy          1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                       |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db          4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy          1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
                    :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db          4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy          1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
                 |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db          4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy          1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
                 |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db          4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy          1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
                 ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy          1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
                    :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy          1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
                 ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db          4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy          1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy          1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
                 ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db          4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy          1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
                 :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy          1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db          5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy          1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
                 |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db          5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy          1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
                 |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db          5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy          1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
                 :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db          5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy          1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGly 1894
                          |||   |||   |||      |||   ||||||
Db          5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCC------------------ 5390

Qy          1895 ValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHis 1914
                                                  ||||||||||||
Db          5391 ---------------------------------CCGGGCGCCCCTGGCCGAGGGCCG--- 5414

Qy          1915 IleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValPro------------ 1930
                    |||   |||   |||                     :::||||||
Db          5415 ---GGAGGGGCGGGCGGCGG-GGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGCTACTC 5470

Qy          1931 ------------------------------------HisProGluGluValProValPro 1938
                                                     |||   :::   |||   :::
Db          5471 GCCTGCCCAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATCGACAACCTGTCGGGCTCCAT 5530

Qy          1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
                 |||   |||   ||||||      |||         ||||||               |||
Db          5531 CTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA---------------CCA 5575

Qy          1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGly 1978
                                                  |||      :::   |||      |||
Db          5576 CGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGACGGA 5608

Qy          1979 TrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAsp 1998
                       ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db          5609 GGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAGTCT 5668

Qy          1999 ThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla 2018
                                                                 ||||||
Db          5669 CGAGGA------------------------------------------CCCCACAGCCTG 5686

Qy          2019 ProThrTrpGlyAlaIleProLys------------------------------------ 2026
                 |||||||||         |||:::
Db          5687 CCCACCTGG---------CCGCAAGGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCCCAT 5737

Qy          2027 ---LeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAla 2045
                             |||||||||      |||         |||||||||
Db          5738 GCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGCCGG 5796

Qy          2046 IleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu 2065
                 |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db          5797 ATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCAACC 5841

Qy          2066 ValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIle 2085
                 :::|||||||||         :::|||
Db          5842 CTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA--------------------------------- 5868

Qy          2086 GlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAla 2105
                                                        ||||||   ::::::|||:::
Db          5869 ---------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCTTCT 5895

Qy          2106 ProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeu 2125
                 |||                           :::   ||||||
Db          5896 CCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC--------------- 5913

Qy          2126 GluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGlu 2145
                                         :::|||            |||||||||
Db          5914 ------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACCCTG 5949

Qy          2146 ProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCys 2163
                          |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db          5950 CAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCAAGA 6009

Qy          2164 ArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCys 2183
                    |||      |||   |||                     |||      |||:::|||
Db          6010 TTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAACTGT 6059

Qy          2184 Leu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeu 2199
                                   :::||||||         |||      |||||||||   |||
Db          6060 ACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG-CTC 6118

Qy          2200 GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSer 2219
                    |||||||||                  :::|||      :::      ||||||:::
Db          6119 CGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCGGCG 6178

Qy          2220 IleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------ProGly 2237
```

```
                                          |||:::         ||||||      ||||||
Db        6179 ---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCGGGC 6217

Qy        2238 ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerPro 2257
                     :::   ||||||:::|||      :::         |||            |||
Db        6218 CGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAGCCT 6277

Qy        2258 LeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
                     :::      ||||||      |||::::::      |||         ||||||
Db        6278 GCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGGCTG 6337

RESULT 7
US-09-935-541-1
; Sequence 1, Application US/09935541
; Patent No. 6589787
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 6816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6716)
US-09-935-541-1

Alignment Scores:
Pred. No.:                 0              Length:          6816
Score:                     5420.00        Matches:         1223
Percent Similarity:        61.74%         Conservative:    234
Best Local Similarity:     51.82%         Mismatches:      494
Query Match:               45.06%         Indels:          413
DB:                        4              Gaps:            60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-1 (1-6816)

Qy          12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
               :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db         207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy          26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
               ||||||||||||
Db         267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy          46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                     ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db         279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy          66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                 ||||||                           :::|||:::
Db         327 ------------------GATCCT------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy          86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
               |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db         345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy         106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
               |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574
```

```
Qy        498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
              |||
Db       1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy        518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                 ||||||   ::::::
Db       1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy        538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                     ||||||
Db       1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy        558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                         |||   |||:::   |||   |||
Db       1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy        578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                  ||||||            ||||||
Db       1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy        598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                       |||      |||         |||   :::|||
Db       1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy        618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                |||   ||||||
Db       1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy        638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                 ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db       1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy        658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                               :::      |||         |||
Db       1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy        677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
              |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db       1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy        697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                 |||                  :::      ||||||   |||:::
Db       1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy        717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                    |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db       1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy        737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
              |||                        |||                  |||:::   :::
Db       1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy        757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                    |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db       1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy        775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
              ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy        795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
              ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db       2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy        815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
              |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db       2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy        835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
              |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db       2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy        855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
              ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy        875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
              ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db       2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy        895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy        915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
              ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db       2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy        934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy        954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
              ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db       2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy        974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
              :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy        994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db       2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy       1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
              |||      |||   ::::::                              |||
Db       2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy       1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
              ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db       2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy       1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
              ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db       2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGGACCTGCC--- 2885

Qy       1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
                 |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db       2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy       1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
              |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db       2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy       1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
              :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db       2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy       1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
              |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db       3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy       1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
                 ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db       3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy       1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
              |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db       3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy       1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                         ||||||   :::|||      :::   :::
Db       3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy       1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
              |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db       3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy       1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
              ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db       3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy       1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
              |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db       3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy       1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
                 :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db       3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy       1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
              |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db       3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy       1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
              ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db       3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy       1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db       3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy       1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
              ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db       3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy       1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
              |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy       1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
              ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db       3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy       1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                    |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy       1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
              ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy       1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
              |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy       1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
              |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db       4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy       1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
              ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db       4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy       1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy       1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
              ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db       4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy       1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy       1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy       1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy       1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
              |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db       4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy       1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                    |||||||||:::|||   :::||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy       1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
                 :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db       4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy       1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
              |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db       4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy       1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
              |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db       4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy       1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
              ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy       1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
                 :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy       1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
              ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db       4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy       1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy       1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
              ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db       4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy       1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
              :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy       1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db       5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy       1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
              |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db       5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy       1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db       5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy       1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
              :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db       5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy       1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGly 1894
                       |||   |||   |||      |||   ||||||
Db       5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCC------------------ 5390

Qy       1895 ValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHis 1914
                                               ||||||||||||
Db       5391 ---------------------------------CCGGGCGCCCCTGGCCGAGGGCCG--- 5414
```

```
Qy       1915 IleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValPro------------ 1930
                 |||   |||   |||                     :::||||||
Db       5415 ---GGAGGGGCGGGCGGCGG-GGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGCTACTC 5470

Qy       1931 ------------------------------------HisProGluGluValProValPro 1938
                                                  |||   :::   |||   :::
Db       5471 GCCTGCCCAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATCGACAACCTGTCGGGCTCCAT 5530

Qy       1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
              |||   |||   ||||||      |||         ||||||               |||
Db       5531 CTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA---------------CCA 5575

Qy       1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGly 1978
                                               |||      :::   |||      |||
Db       5576 CGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGACGGA 5608

Qy       1979 TrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAsp 1998
                    ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db       5609 GGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAGTCT 5668

Qy       1999 ThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla 2018
                                                              ||||||
Db       5669 CGAGGA------------------------------------------CCCCACAGCCTG 5686

Qy       2019 ProThrTrpGlyAlaIleProLys------------------------------------ 2026
              |||||||||         |||:::
Db       5687 CCCACCTGG---------CCGCAAGGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCCCAT 5737

Qy       2027 ---LeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAla 2045
                          |||||||||      |||         |||||||||
Db       5738 GCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGCCGG 5796

Qy       2046 IleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu 2065
              |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db       5797 ATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCAACC 5841

Qy       2066 ValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIle 2085
              :::|||||||||         :::|||
Db       5842 CTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA--------------------------------- 5868

Qy       2086 GlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAla 2105
                                                     ||||||   ::::::|||:::
Db       5869 ---------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCTTCT 5895

Qy       2106 ProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeu 2125
              |||                           :::   ||||||
Db       5896 CCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC--------------- 5913

Qy       2126 GluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGlu 2145
                                      :::|||            |||||||||
Db       5914 ------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACCCTG 5949

Qy       2146 ProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCys 2163
                       |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db       5950 CAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCAAGA 6009

Qy       2164 ArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCys 2183
                 |||      |||   |||                     |||      |||:::|||
Db       6010 TTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAACTGT 6059

Qy       2184 Leu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeu 2199
                                :::||||||         |||      |||||||||   |||
Db       6060 ACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG-CTC 6118

Qy       2200 GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSer 2219
                 |||||||||                  :::|||      :::      ||||||:::
Db       6119 CGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCGGCG 6178

Qy       2220 IleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------ProGly 2237
                                         |||:::         ||||||      ||||||
Db       6179 ---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCGGGC 6217

Qy       2238 ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerPro 2257
```

```
                    :::   ||||||:::|||      :::         |||            |||
Db       6218 CGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAGCCT 6277

Qy       2258 LeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
                    :::      ||||||      |||::::::      |||         ||||||
Db       6278 GCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGGCTG 6337

RESULT 8
US-09-404-650-3
; Sequence 3, Application US/09404650
; Patent No. 6309858
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT: McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION: AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  CURRENT FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 6855
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6755)
US-09-404-650-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6855
Score:                  5420.00        Matches:       1228
Percent Similarity:     61.97%         Conservative:  235
Best Local Similarity:  52.01%         Mismatches:    500
Query Match:            45.06%         Indels:        402
DB:                     3              Gaps:          63

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-404-650-3 (1-6855)

Qy         12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
              :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db        207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy         26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
              ||||||||||||
Db        267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy         46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                    ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db        279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy         66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                ||||||                           :::|||:::
Db        327 ------------------GATCCT---------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy         86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
              |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db        345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy        106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
              |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db        405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy        126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
              |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db        465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy        146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
              |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db        525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy        166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
```

```
              :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy        186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db        645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy        206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
              ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db        705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy        226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
              ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy        246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db        825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy        266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
              ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db        885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy        286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                 |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db        945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy        306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                    :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db       1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy        326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                 |||      |||   |||                  |||:::
Db       1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy        340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                    |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db       1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy        358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
              |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy        378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db       1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy        398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy        418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy        438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                 :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db       1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy        458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
              ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db       1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy        478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
              ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db       1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy        498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
              |||
Db       1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy        518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                 ||||||   ::::::
Db       1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy        538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                     ||||||
Db       1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy        558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                         |||   |||:::   |||   |||
Db       1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy        578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                  ||||||            ||||||
Db       1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy        598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                       |||      |||         |||   :::|||
Db       1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy        618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                |||   ||||||
Db       1686 ------------------ACGCCCACACC------------------------------- 1697

Qy        638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                 ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db       1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy        658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                               :::      |||         |||
Db       1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy        677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
              |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db       1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy        697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                 |||                  :::      ||||||   |||:::
Db       1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy        717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                    |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db       1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy        737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
              |||                        |||                  |||:::   :::
Db       1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy        757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                    |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db       1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy        775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
              ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy        795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
              ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db       2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy        815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
              |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db       2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy        835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
              |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db       2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy        855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
              ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy        875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
              ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db       2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360
```

```
Qy      895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy      915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
            ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db     2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy      934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy      954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
            ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db     2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy      974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
            :::||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy      994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::   
Db     2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy     1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
            |||      |||   ::::::                              |||      
Db     2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy     1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
            ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||      
Db     2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy     1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
            ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||      
Db     2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGGACCTGCC--- 2885

Qy     1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
               |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db     2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy     1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
            |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db     2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy     1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
            :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db     2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy     1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
            |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||   
Db     3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy     1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
               ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db     3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy     1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
            |||         ||||||:::|||      :::   |||                     
Db     3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy     1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                       ||||||   :::|||      :::   :::   
Db     3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy     1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
            |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db     3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy     1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
            ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db     3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy     1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
            |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db     3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy     1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
               :::   :::         |||::::::      :::            |||      
Db     3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy     1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
            |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db     3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy     1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
            ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db     3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy     1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
            |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db     3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy     1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
            ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db     3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy     1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
            |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy     1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
            ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db     3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy     1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                  |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy     1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
            ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy     1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
            |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy     1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
            |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db     4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy     1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
            ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db     4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy     1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy     1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
            ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::   
Db     4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy     1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db     4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy     1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy     1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
            |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy     1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
```

```
            |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db     4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy     1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                  |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db     4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy     1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
               :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db     4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy     1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
            |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db     4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy     1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
            |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db     4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy     1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
            ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy     1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
               ::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
Db     4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy     1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
            ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db     4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy     1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy     1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
            ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db     4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy     1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
            :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy     1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db     5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy     1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
            |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db     5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy     1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
            |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db     5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy     1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
            :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db     5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy     1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro--- 1893
                     |||   |||   |||      |||   |||||||||         |||
Db     5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCCCCGGGCGCC---CCTGGC 5405

Qy     1894 ------------GlyValGluGlyValAsnSerThrAsp--------------------- 1902
                        |||      |||         |||:::
Db     5406 CGAGGGCCGGGAGGGGCGGGCGGCGGGGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGC 5465

Qy     1903 ---SerProLysProGlyAlaPro------------HisThrThrAlaHisIleGlyAla 1917
               ||||||   ||||||   |||                        |||   |||
Db     5466 TACTCGCCTGC-CCAGGAGAACCTGTGGCTGGACAGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTC 5524

Qy     1918 AlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProVal 1937
                  |||         :::|||               |||   :::   |||   :::
```

```
Db     5525 CTTGGAGGG---GGAGCTGACCAT---------------CATCGACAACCTGTCGGCTC 5566

Qy     1938 ProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeu 1957
               |||   |||   ||||||      |||         ||||||
Db     5567 CATCTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA--------------- 5611

Qy     1958 ProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArg 1977
            |||                                 |||      :::   |||
Db     5612 CCACGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGAC 5644

Qy     1978 GlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAla 1997
            |||      ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db     5645 GGAGGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAG 5704

Qy     1998 AspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGly 2017
                                                               ||||||
Db     5705 TCTCGAGGA------------------------------------------CCCCACAGC 5722

Qy     2018 AlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProPro------------------------ 2029
               |||||||||         |||:::
Db     5723 CTGCCCACCTGG---------CCGCAAAGACAGCAAGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCC 5773

Qy     2030 ---------------ProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAla 2044
                           |||||||||      |||         |||||||||
Db     5774 CATGCGTGTGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGC 5832

Qy     2045 AlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSer 2064
               |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db     5833 CGGATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCA 5877

Qy     2065 GluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSer 2084
               :::|||||||||         :::|||
Db     5878 ACCCTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA------------------------------ 5907

Qy     2085 IleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuPro 2104
                                                      ||||||   ::::::|||
Db     5908 ------------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCT 5931

Qy     2105 AlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSer 2124
            :::|||                           :::   ||||||
Db     5932 TCTCCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC------------ 5952

Qy     2125 LeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGlu 2144
                                       :::|||            |||||||||
Db     5953 ---------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACC 5985

Qy     2145 GluProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSer 2162
                        |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db     5986 CTGCAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCA 6045

Qy     2163 CysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSer 2182
                  |||      |||   |||                     |||      |||:::
Db     6046 AGATTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAAC 6095

Qy     2183 CysLeu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSer 2198
            |||                  :::||||||         |||      |||||||||
Db     6096 TGTACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG- 6154

Qy     2199 LeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProPro 2218
            |||   |||||||||                  :::|||      :::      ||||||
Db     6155 CTCCGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCG 6214

Qy     2219 SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------Pro 2236
            :::                           |||:::         ||||||      |||
Db     6215 GCG---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCG 6253

Qy     2237 GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSer 2256
            |||      :::   ||||||:::|||      :::         |||
Db     6254 GGCCGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAG 6313

Qy     2257 ProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGly 2276
            |||      :::      ||||||      |||::::::      |||         |||
Db     6314 CCTGCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGG 6373
```

```
Qy        2277 Leu 2277
               |||
Db        6374 CTG 6376

RESULT 9
US-09-935-541-3
; Sequence 3, Application US/09935541
; Patent No. 6589787
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 6855
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6755)
US-09-935-541-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         6855
Score:                  5420.00         Matches:        1228
Percent Similarity:     61.97%          Conservative:   235
Best Local Similarity:  52.01%          Mismatches:     500
Query Match:            45.06%          Indels:         402
DB:                     4               Gaps:           63

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-3 (1-6855)

Qy          12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
               :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db         207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy          26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
               ||||||||||||
Db         267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy          46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                     ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db         279 ------AGCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy          66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                 ||||||                           :::|||:::
Db         327 ------------------GATCCT---------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy          86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
               |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db         345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy         106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
               |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::         |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::         |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy         498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
               |||
Db        1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy         518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                  ||||||   ::::::
```

```
Db      1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy       538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                    ||||||
Db      1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy       558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                        |||   |||:::   |||   |||
Db      1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy       578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                 ||||||            ||||||
Db      1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy       598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                      |||      |||         |||   :::|||
Db      1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy       618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                               |||   ||||||
Db      1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy       638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                |||||||||            |||   |||   ||||||   |||
Db      1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy       658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                              :::      |||         |||
Db      1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy       677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
             |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db      1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy       697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                |||                  :::      ||||||   |||:::
Db      1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy       717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                   |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db      1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy       737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
             |||                        |||                  |||:::   :::
Db      1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy       757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                   |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db      1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy       775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
             ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db      2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy       795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
             ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db      2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy       815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
             |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db      2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy       835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
             |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db      2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy       855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
             ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db      2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy       875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
             ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy       895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy       915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
             ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db      2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy       934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy       954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
             ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db      2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy       974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
             :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy       994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db      2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy      1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
             |||      |||   ::::::                              |||
Db      2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy      1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
             ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db      2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy      1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
             ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db      2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGGACCTGCC--- 2885

Qy      1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
                |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db      2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy      1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
             |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db      2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy      1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
             :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db      2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy      1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
             |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db      3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy      1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
                ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db      3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy      1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
             |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db      3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy      1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                        ||||||   :::|||      :::   :::
Db      3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy      1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
             |||   ||||||      :::   :::      |||   |||      |||:::   |||
Db      3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy      1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
             ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db      3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389
```

```
Qy      1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
             |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db      3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy      1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
                :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db      3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy      1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
             |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db      3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy      1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
             ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db      3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy      1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
             |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db      3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy      1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
             ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db      3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy      1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
             |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy      1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
             ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db      3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy      1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                   |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy      1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
             ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db      3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy      1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
             |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy      1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
             |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db      4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy      1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
             ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db      4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy      1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy      1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
             ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db      4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy      1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db      4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy      1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy      1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
             |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy      1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
             |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db      4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy      1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                   |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db      4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy      1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
                :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db      4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy      1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
             |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db      4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy      1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
             |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db      4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy      1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
             ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db      4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy      1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
                :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy      1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
             ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db      4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy      1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db      4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy      1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
             ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db      4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy      1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
             :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db      5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy      1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db      5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy      1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
             |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db      5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy      1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
             |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db      5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy      1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
             :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db      5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy      1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro--- 1893
                      |||   |||   |||      |||   |||||||||         |||
Db      5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCCCCGGGCGCC---CCTGGC 5405

Qy      1894 ------------GlyValGluGlyValAsnSerThrAsp--------------------- 1902
                         |||      |||         |||:::
Db      5406 CGAGGGCCGGGAGGGGCGGGCGGCGGGGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGC 5465

Qy      1903 ---SerProLysProGlyAlaPro------------HisThrThrAlaHisIleGlyAla 1917
                ||||||   ||||||   |||                        |||   |||
Db      5466 TACTCGCCTGC-CCAGGAGAACCTGTGGCTGGACAGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTC 5524

Qy      1918 AlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProVal 1937
                   |||         :::|||               |||   :::   |||   :::
```

```
Db        5525 CTTGGAGGG---GGAGCTGACCAT---------------CATCGACAACCTGTCGGGCTC 5566

Qy        1938 ProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeu 1957
                  |||   |||   ||||||      |||         ||||||
Db        5567 CATCTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA--------------- 5611

Qy        1958 ProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArg 1977
               |||                                 |||      :::   |||
Db        5612 CCACGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGAC 5644

Qy        1978 GlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAla 1997
               |||      ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db        5645 GGAGGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAG 5704

Qy        1998 AspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGly 2017
                                                                  ||||||
Db        5705 TCTCGAGGA------------------------------------------CCCCACAGC 5722

Qy        2018 AlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProPro------------------------ 2029
                  |||||||||         |||:::
Db        5723 CTGCCCACCTGG---------CCGCAAAGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCC 5773

Qy        2030 ---------------ProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAla 2044
                              |||||||||      |||         |||||||||
Db        5774 CATGCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGC 5832

Qy        2045 AlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSer 2064
                  |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db        5833 CGGATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCA 5877

Qy        2065 GluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSer 2084
                  :::|||||||||         :::|||
Db        5878 ACCCTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA------------------------------ 5907

Qy        2085 IleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuPro 2104
                                                         ||||||   ::::::|||
Db        5908 ------------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCT 5931

Qy        2105 AlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSer 2124
               :::|||                           :::   ||||||
Db        5932 TCTCCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC------------ 5952

Qy        2125 LeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGlu 2144
                                          :::|||            |||||||||
Db        5953 ---------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACC 5985

Qy        2145 GluProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSer 2162
                           |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db        5986 CTGCAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCA 6045

Qy        2163 CysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSer 2182
                     |||      |||   |||                     |||      |||:::
Db        6046 AGATTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAAC 6095

Qy        2183 CysLeu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSer 2198
               |||                  :::||||||         |||      |||||||||
Db        6096 TGTACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG- 6154

Qy        2199 LeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProPro 2218
               |||   |||||||||                  :::|||      :::      ||||||
Db        6155 CTCCGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCG 6214

Qy        2219 SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------Pro 2236
               :::                           |||:::         ||||||      |||
Db        6215 GCG---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCG 6253

Qy        2237 GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSer 2256
               |||      :::   ||||||:::|||      :::         |||
Db        6254 GGCCGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAG 6313

Qy        2257 ProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGly 2276
               |||      :::      ||||||      |||::::::      |||         |||
Db        6314 CCTGCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGG 6373
```

```
Qy        2277 Leu 2277
               |||
Db        6374 CTG 6376

RESULT 10
US-09-404-650-12
; Sequence 12, Application US/09404650
; Patent No. 6309858
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT: McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION: AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  CURRENT FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 6503
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-09-404-650-12

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        6503
Score:                  5407.00        Matches:       1234
Percent Similarity:     61.05%         Conservative:  241
Best Local Similarity:  51.08%         Mismatches:    502
Query Match:            44.95%         Indels:        444
DB:                     3              Gaps:          60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-404-650-12 (1-6503)

Qy           3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
               |||         |||   |||:::|||   ||||||      |||   |||
Db          64 CCCCCGGGCCCGCCGCCCTGCATGCGCCGTCCCCCTCGCCCCGGGGGCGCA--------- 114

Qy          23 SerAspPro------------ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArg 38
               :::||||||               ||||||      |||||||||   :::   ||||||
Db         115 GCTGATCCCGGAATCCGAGGCGTGGGGCCGGCGGG-GCGCGGGGTCCCTCTCCACGCCGG 173

Qy          39 Met------Glu-ArgAlaProArg------SerArgAspSerProValAla-------- 51
               :::          |||   ||||||      :::||||||   |||   |||
Db         174 CTTCGGGGACACGCGTCAACCCCGCGTCTCTGCCCGGGACGACCCCGCTGCCCGGCCACG 233

Qy          52 -------------------------------------------SerArgSerSerThrTh 57
                                                                ::::::
Db         234 TCCATGCCAAGGGCTCCCTGCTCCACGCTGACATGGCTGACAGCAACTTACCGCCCTCAT 293

Qy          57 rCysProGlyProGly---------------------AlaAlaGlyAla-GlySerThrG 70
                |||      ||||||                     ||||||||||||    |||
Db         294 CTGCAGCAGCCCCGGCCCCTGAGCCGGGAATCACTGAGCAGCCGGGGCCCCGGAGTCCCC 353

Qy          70 luLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGly------------LeuProTyrP 86
                       |||         :::         ||||||            :::|||:::|
Db         354 CTCCATCCCCTCCAGGCCTGGAGGAGCCATTGGAAGGAACCAACCCTGACGTCCCACATC 413

Qy          86 roAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpC 106
               ||   ||||||||||||   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::||||
Db         414 CAGACCTGGCTCCTGTTGCTTTCTTCTGCCTGCGCCAGACCACGAGCCCACGGAACTGGT 473

Qy         106 ysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuA 126
               ||::::::   |||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db         474 GCATCAAGATGGTTTGTAACCCGTGGTTCGAGTGTGTGAGCATGCTGGTTATTCTGCTGA 533

Qy         126 snCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgC 146
               ||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   ||||
Db         534 ACTGTGTGACCCTGGGCATGTACCAGCCATGTGATGACATGGAGTGCCTGTCGGACCGTT 593

Qy         146 ysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValV 166
               ||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:
```

```
Db         594 GCAAGATCCTGCAGGTCTTCGATGACTTCATCTTCATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTGC 653

Qy         166 alLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnA 186
               ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         654 TTAAGATGGTGGCCCTGGGCATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGAGACACATGGAACC 713

Qy         186 rgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnV 206
               ||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||:
Db         714 GCCTGGATTTCTTCATTGTCATGGCAGGGATGGTTGAGTACTCTCTGGACCTACAGAACA 773

Qy         206 alSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgV 226
               :::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||
Db         774 TCAACCTGTCAGCCATCCGCACTGTGCGTGTCCTGAGGCCTCTCAAAGCCATCAACCGTG 833

Qy         226 alProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnV 246
               |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         834 TACCCAGCATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTGCTCGACACGCTGCCCATGCTGGGGAACG 893

Qy         246 alLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpA 266
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db         894 TGCTCCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCATTGGCGTGCAGCTCTGGG 953

Qy         266 laGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValA 286
               |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         954 CAGGCCTGCTACGGAACCGCTGCTTCCTGGAAGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTGG 1013

Qy         286 spLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnP 306
                 |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db        1014 CCCTGCCCCCTTATTACCAACCAGAGGAGGATGACGAGATGCCCTTTATCTGCTCCCTGA 1073

Qy         306 roArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyG 326
                    :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1074 CTGGGGACAATGGCATCATGGGCTGCCACGAGATCCCCCCACTGAAGGAGCAG------- 1126

Qy         326 lyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
                 |||      |||   |||                  |||:::
Db        1127 --GGCCGGGAATGCTGCCTGTCCAAAGATGATGTGTATGACTTCGGGGCGGGGCGCCAGG 1184

Qy         340 erSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaG 358
                    |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||      |
Db        1185 ACCTCAACGCCAGCGGTCTGTGCGTCAACTGGAACCGCTACTACAACGTCTGCCGCACGG 1244

Qy         358 lyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleA 378
               ||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db        1245 GCAACGCCAACCCTCACAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCGGGATTG 1304

Qy         378 laIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspA 398
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||
Db        1305 TGATTTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTATGTGATGGACG 1364

Qy         398 laHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheM 418
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1365 CACATTCTTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTGCTCATCATAGTGGGCTCCTTCTTCA 1424

Qy         418 etIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluS 438
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1425 TGATCAACTTGTGCCTCGTTGTCATAGCAACCCAGTTCTCTGAGACCAAGCAACGGGAGC 1484

Qy         438 erGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerP 458
                 :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||:
Db        1485 ACCGGCTGATGCTGGAGCAACGCCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGTT 1541

Qy         458 heSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgL 478
               :::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::||||||||||
Db        1542 ACGCTGAGCCCGGTGATTGCTATGAGGAGATCTTCCAATATGTCTGTCACATCCTTCGCA 1601

Qy         478 ysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuS 498
               |||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1602 AAGCCAAGCGC------------------CGTGCCCTAGGCCTCTACCAGGCCCTG---- 1639

Qy         498 erSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerH 518
                                                                          :
Db        1640 --------------------------------------------------------CAGA 1643

Qy         518 isArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrH 538
               ::||||||   :::
Db        1644 ACCGGCGCCAGGCC---------------------------------------------- 1657

Qy         538 isLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspA 558
                 :::|||   ||||||
Db        1658 --ATGGGCCCGGGGACA------------------------------------------- 1672

Qy         558 laAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyP 578
                                         |||   |||:::   |||   |||
Db        1673 --------------------------CCAGCCCCTGCCAAGCCTGGGCCC---------- 1696

Qy         578 roProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProV 598
                                                  ||||||            ||||||
Db        1697 -----------------------------------CATGCCAAG---------GAGCCCA 1712

Qy         598 alArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlyS 618
                    |||:::      |||         |||   :::
Db        1713 GCCACTGCAAGCTGTGCCCACGACACAGCCCCCTGGAC---------------------- 1750

Qy         618 erGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysA 638
                             ||||||   ||||||
Db        1751 --------------CCCACTCCCCACACA------------------------------- 1765

Qy         638 laLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProP 658
                 ||||||:::
Db        1766 --CTGGTGCAG------------------------------------------------- 1774

Qy         658 roGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisS 678
                    |||   |||::::::
Db        1775 -----CCCATCTCTGCCATTCTG------------------------------------- 1792

Qy         678 erSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspS 698
                                                           |||      |||   |
Db        1793 --------------------------------------------GCCTCTGACCCCAGCA 1808

Qy         698 erCysProTyrCysAlaArg------------------ThrGlyAlaGlyGluProGluS 712
               ||||||||:::|||                        :::|||   |||      :::|
Db        1809 GCTGCCCTCACTGCCAGCACGAGGCAGGCAGGCGGCCCTCTGGCCTGGGCAGCACTGACT 1868

Qy         712 erAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspA 732
               ||                           |||
Db        1869 CAGGCCAGGAAGGCTCAGGTTCTGGTGGCTCTGCAGAGGCCGAAGCCAATGGGGATGGAC 1928

Qy         732 laGlnHisSerAsp-LeuArgAspProHisSer------ArgArgArgGlnArgSerLeu 749
                 |||   |||::: :::      |||   :::      |||||||||   |||
Db        1929 TCCAGAGCAGTGAGGATGGGGTCTCCTCGGACCTGGGGAAGGAGGAGGAACAGGAGGACG 1988

Qy         750 GlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPhe 769
               |||         :::|||      |||         ||||||
Db        1989 GGG---------CAGCCCGACTGTGTGGG-GATGTGTGGCGCGAGACACGAAAAAAGCTG 2038

Qy         770 ArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsn 789
               |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||
Db        2039 CGGGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACAGAGGTATCATGATGGCTATCCTGGTGAAC 2098

Qy         790 ThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGlu 809
               |||:::|||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db        2099 ACAGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAACAGCCCGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAG 2158

Qy         810 IleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuVal 829
               |||   |||:::||||||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||
Db        2159 ATCTGCAATGTGGTCTTCACCAGTATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAACTGGCCGCC 2218

Qy         830 TyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValVal 849
               :::|||   |||   |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::
Db        2219 TTTGGGCTCTTCGACTACCTGCGGAACCCTTACAACATCTTTGACAGCATCATCGTCATC 2278

Qy         850 IleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPhe 869
               ||||||:::||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||
Db        2279 ATCAGCATCTGGGAAATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCCTGTCTGTGCTGCGCACCTTC 2338
```

```
Qy         870 ArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuVal 889
               ||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||
Db        2339 CGGTTGCTGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCATGCCGGCGCTGCGGCGCCAGCTCGTG 2398

Qy         890 ValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIle 909
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2399 GTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTACTCATGCTGTTCATC 2458

Qy         910 PheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp 929
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||
Db        2459 TTCATCTTCAGCATCCTTGGGATGCATATCTTTGGCTGCAAATTCAGCCTCCGCACGGAC 2518

Qy         930 ---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThr 948
                  |||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2519 ACGGGAGACACCGTTCCTGACAGGAAGAACTTCGATTCCTTACTGTGGGCCATCGTCACA 2578

Qy         949 ValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSer 968
               |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db        2579 GTGTTCCAGATCCTCACTCAGGAGGACTGGAACGTTGTCCTGTACAATGGCATGGCCTCC 2638

Qy         969 ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeu 988
               |||:::   ||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2639 ACCACCCCCTGGGCCTCCCTCTATTTTGTTGCCCTCATGACCTTTGGCAACTACGTTCTC 2698

Qy         989 PheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLys 1008
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::
Db        2699 TTCAATCTCCTGGTGGCTATCCTGGTAGAGGGTTTCCAGGCTGAGGGTGATGCTAATCGT 2758

Qy        1009 SerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGly------------------ 1022
               |||   |||:::   |||      |||   :::::::::
Db        2759 TCCTGCTCTGATGAGGACCAGAGCTCATCCAATTTGGAGGAGTTTGACAAGCTCCCAGAG 2818

Qy        1023 ------AspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
                     |||      |||      :::|||      :::   :::      :::
Db        2819 GGCCTGGACAACAGTAGAGATCTCAAGCTCTGCCCAATACCCATGACACCCAATGGACAC 2878

Qy        1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHis------ThrAlaAlaThrProMet 1058
               |||      ||||||      ||||||      |||         |||   |||
Db        2879 CTGGACCCTAGCCTC------CCTCTGGGTGCGCATCTGGGTCCTGCTGGTACCATGGGT 2932

Qy        1059 SerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArg 1078
               :::   |||:::   |||                     :::         ||||||:::
Db        2933 ACTGCCCCCCGCCTCTCACTGCAGCCAGACCCGGTACTGGTGGCCCTAGACTCTCGGAAA 2992

Qy        1079 ThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProPro 1098
               :::|||                     |||         ::::::   :::
Db        2993 AGCAGTGTCATGTCCCTG---------GGCAGGATGAGCTATGATCAGCGATCCTTGTCC 3043

Qy        1099 SerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArg 1118
               |||:::|||||||||   :::   ||||||      :::   :::|||   |||||||||
Db        3044 AGCTCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCCTGGGGCCGCAGTGGGACCTGGGCTAGCCGCCGC 3103

Qy        1119 SerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGlu 1138
               ||||||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db        3104 TCCAGCTGGAAC------------------AGCCTGAAACACAAGCCGCCCTCAGCTGAG 3145

Qy        1139 ArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSer------GlnAspGluGluGluSer 1156
                     |||||||||||||||||||||      |||      :::      |||   :::
Db        3146 CATGAGTCCTTACTGTCTGGGGAGGGTGGAGGTAGCTGCGTCAGGGCCTGTGAAGGCGCC 3205

Qy        1157 SerGluGlu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------- 1169
                  ||||||         |||   :::|||      :::   |||
Db        3206 CGGGAGGAGGCGCCAACTCGCACCGCACCCCTGCATGCTCCACACGCGCACCACGCGCAC 3265

Qy        1170 ------------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAla 1179
                                                ||||||   :::|||      :::
Db        3266 CATGGACCCCACCTGGCACACCGTCACCGACACCACCGCCGGACTCTGTCCCTTGATACC 3325

Qy        1180 LysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSer 1199
               :::   |||   ||||||   :::   :::   |||   |||   |||      |||:::
Db        3326 AGGGACTCTGTTGACCTGGGAGAGCTGGTGCCCGTGGTGGGTGCCCACTCACGGGCCGCT 3385

Qy        1200 ------GlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGly 1217
                     |||         |||      |||:::||||||||||||:::      :::
Db        3386 TGGAGGGGGGCGGGTCAGGCCCCTGGGCACGAGGACTGCAATGGCAGAATGCCCAAC--- 3442

Qy        1218 ArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsn 1236
                  :::|||:::   :::   |||      |||   :::   |||      :::|||
Db        3443 ---ATAGCCAAGGATGTCTTCACCAAGATGGATGACCGCCGCGACCGCGGGGAGGACGAG 3499

Qy        1237 AspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPro 1256
               :::|||   :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db        3500 GAGGAGATCGACTATACCCTGTGTTTCCGGGTCCGCAAGATGATTGATGTGTACAAGCCG 3559

Qy        1257 AlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPhe 1276
                     |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||:::::::::|||
Db        3560 GACTGGTGCGAAGTCCGCGAGGACTGGTCGGTCTACCTCTTCTCCCCCGAGAACAAGTTC 3619

Qy        1277 ArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIle 1296
               |||:::||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||
Db        3620 CGGATCCTGTGTCAGACCATCATTGCTCACAAGCTTTTTGACTACGTGGTCTTGGCCTTT 3679

Qy        1297 IlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAla 1316
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||
Db        3680 ATCTTCCTCAACTGTATCACCATTGCTCTGGAGAGACCCCAGATTGAAGCTGGTAGCACT 3739

Qy        1317 GluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMet 1336
               ||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   ||||||
Db        3740 GAGCGCATCTTCCTCACGGTGTCTAACTACATCTTCACAGCCATCTTCGTGGCCGAGATG 3799

Qy        1337 ThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSer 1356
               |||:::|||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3800 ACACTGAAGGTGGTTTCTCTGGGCCTGTACTTTGGTGAGCAGGCGTACCTGCGTAGCAGC 3859

Qy        1357 TrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMet 1376
               ||||||||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::
Db        3860 TGGAATGTACTGGATGGTTTCCTGGTCTTTGTGTCCATCATCGATATCGTAGTGTCCGTG 3919

Qy        1377 ValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThr 1396
                  |||      |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        3920 GCCTCTGCTGGGGGAGCCAAGATTCTGGGGGTCCTCCGGGTCCTGCGGCTCCTGCGTACC 3979

Qy        1397 LeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeu 1416
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db        3980 TTACGTCCTTTGAGGGTTATCAGCCGGGCCCCTGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACGCTC 4039

Qy        1417 MetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIle 1436
               :::||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db        4040 ATCTCCTCCCTCAAGCCCATTGGGAACATCGTCCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATC 4099

Qy        1437 PheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAsp 1456
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||
Db        4100 TTCGGCATCCTGGGGGTGCAGCTTTTCAAAGGCAAGTTCTACCATTGTTTGGGAGTGGAC 4159

Qy        1457 ThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHis 1476
               ||||||||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||
Db        4160 ACCCGAAACATCACCAACCGATCTGACTGCGTGGCGGCCAACTACCGCTGGGTGCATCAC 4219

Qy        1477 LysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLys 1496
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4220 AAATACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCATTGATGTCCCTCTTTGTCTTGGCCTCCAAG 4279

Qy        1497 AspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPro 1516
               ||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||
Db        4280 GACGGCTGGGTGAACATCATGTATAATGGATTAGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCA 4339

Qy        1517 IleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAla 1536
               :::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::
Db        4340 GTGACGAACCACAACCCCTGGATGCTACTGTACTTCATTTCGTTCCTGCTCATCGTCAGC 4399

Qy        1537 PhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGln 1556
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4400 TTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGCGTGGTCGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAG 4459

Qy        1557 HisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLys 1576
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4460 CACCAGGAGGCTGAGGAGGCGCGGAGGCGTGAGGAGAAACGGCTGCGGCGCCTGGAAAAG 4519

Qy       1577 LysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
              |||||||||                     :::||||||      |||||||||:::
Db       4520 AAGCGCCGT---------------------AAGGCTCAGAGGCTGCCCTACTATGCTACC 4558

Qy       1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
              |||         |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||
Db       4559 TACTGTCCCACAAGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTC 4618

Qy       1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
              ||||||   :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db       4619 ATTACCTTCATCATCTGCCTCAATGTTGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAACCAGCCT 4678

Qy       1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
                    |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||
Db       4679 ACATCCCTAGAGACAGCCCTTAAGTACTGCAACTACATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTG 4738

Qy       1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
              |||:::|||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||
Db       4739 GAGGCTGTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGCCTGAGGCGTTTCTTCAAGGACCGATGGAAC 4798

Qy       1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
              ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db       4799 CAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCGTCATGGGCATCACACTGGAGGAGATCGAG 4858

Qy       1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
              :::|||   :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4859 ATCAATGCCGCCCTTCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGCGTGTTCTGCGTATC 4918

Qy       1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
              ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||
Db       4919 GCCCGGGTGTTGAAGCTATTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACAGTG 4978

Qy       1737 MetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIle 1756
              :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4979 GTACAGGCTCTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTGCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATC 5038

Qy       1757 PheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCys 1776
              :::|||||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||
Db       5039 TATGCTGCTCTGGGAGTGGAGCTCTTCGGAAAGCTGGTCTGCAATGACGAGAACCCGTGT 5098

Qy       1777 GluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPhe 1796
              ||||||:::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5099 GAGGGCATGAGCCGGCACGCCACCTTTGAAAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACGCTCTTC 5158

Qy       1797 ArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys--- 1815
              :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db       5159 CAGGTCTCCACAGGCGATAACTGGAATGGAATTATGAAGGACACCCTGCGAGACTGTACC 5218

Qy       1816 AspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSer 1833
                    |||   ||||||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||
Db       5219 CATGATGAGCGCACGTGCCTAAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCACCGCTCTACTTTGTGAGC 5278

Qy       1834 PheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHis 1853
              |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||
Db       5279 TTCGTGCTCACAGCTCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCCGTGCTGATGAAACAT 5338

Qy       1854 LeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeu 1873
              |||::::::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::||||||:::||||||
Db       5339 CTGGATGACAGCAACAAGGAGGCCCAGGAGGATGCAGAGATGGATGCTGAGATCGAGCTG 5398

Qy       1874 GluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro 1893
              ||||||
Db       5399 GAGATG------------------------------------------------------ 5404

Qy       1894 GlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAla 1913
                       |||:::               |||   ||||||
Db       5405 ---GCCCATGGCCTCGGCCCCTGCCCTGGCCCCTGCCCTGGT------------------ 5443

Qy       1914 HisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGlu 1933
                                                              |||   |||
Db       5444 ------------------------------------------------CCCTGCCCCTGC 5455

Qy       1934 GluValProValPro---LeuGlyProAspLeuLeuThrVal------------------ 1946
                    |||   |||      ||||||   |||   |||
Db       5456 CCCTGCCCCTGCCCCTGTGCTGGCCCGAGGCTGCCCACTAGTTCACCTGGGGCTCCGGGG 5515

Qy       1947 ArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsn 1966
              |||   ||||||   :::                     :::|||::::::||||||:::
Db       5516 CGAGGATCGGGAGGGGCAGGTGCTGGAGGC---GACACCGAGAGTCACCTGTGCCGGCAC 5572

Qy       1967 ---GlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGln 1985
                    |||   |||:::   :::|||            |||
Db       5573 TGCTATTCTCCAGCCCAGGAGACCCTG------------TGG------------CTGGAC 5608

Qy       1986 SerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeu 2005
              |||   |||::::::         |||         :::   :::   |||      |||
Db       5609 AGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATTGACAACCTG 5668

Qy       2006 ProLysAspVal---HisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla------------------ 2018
                       |||   |||:::         |||   |||
Db       5669 TCTGGGTCCGTCTTCCACCACTACGCCTCACCTGACGGCTGTGGCAAGTGTCACCATGAC 5728

Qy       2019 ------------------------ProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProPro 2030
                                            ||||||            |||      |||
Db       5729 AAGCAAGAGACAGGTCTTCATCCATCCTGCTGGGGGATGACCTGAGTCTTGAGGACCCCA 5788

Qy       2031 GlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSer 2050
                    :::      |||   |||      |||         ::::::|||:::
Db       5789 CGGCCTGCCCACAGGGCCCCAAGGAGAGCAAGGGTGAACTAGAGCCTCCGGAGCCCATGC 5848

Qy       2051 LeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu------ValSerGly 2068
                             :::   :::         |||   ||||||         :::|||
Db       5849 AGGCTGGAGACCTGGATGAATGCTTTTGGCCCTTTGCCAAGCGAGCCAGTGTCCACAGGC 5908

Qy       2069 ProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGln 2088
              |||      |||      |||               ||||||   |||||||||
Db       5909 CCAGAGAG-CCTGCTGTGCGAGAT------------GGGGGCCATTCCATTCAACC-CTG 5954

Qy       2089 GlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArg------------------ 2102
                       |||      ::::::   :::||||||   |||
Db       5955 TCCAGTCCTGGCTCAAACACGAGAGCAGCCAAGCACCCCAGAGCCCTTTCTCCCCGGATG 6014

Qy       2103 ---------------------------------------------------LeuProAla 2105
                                                                 |||||||||
Db       6015 GCTCCAGCCCTCTCCTGTAGATGCCTGCTGAGTTCTTCCACCCTGCTGTGTCTGCCAGCC 6074

Qy       2106 ---------------------------------ProCysProGly------LeuGluPro 2112
                                               |||||||||         |||:::
Db       6075 AGAAGGGGCAGGAACCGGGCATGAGTGCAGGAACCCTGCCCAAG-ATTGCACTTCAGGGG 6133

Qy       2113 SerTrpAlaLys---AspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeu 2131
              |||||||||            |||            :::|||               :::
Db       6134 TCCTGGGCATCGCTGAGGTCACCGAGTGTCAACTGCACCCTCTTGCGCCAGGCTACTGTG 6193

Qy       2132 SerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAsp 2151
              |||      |||   |||      |||||||||
Db       6194 AGTGACACGTCCTTGGATGCCAGTCCTAGCAGCTCA------------------------ 6229

Qy       2152 LeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeu 2171

Db       6229 ------------------------------------------------------------ 6229

Qy       2172 AspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArg 2191
                                |||:::      :::      ||||||   :::
Db       6230 ------------GCGGGCAGCCTACAGACCACACTGGAAGACAGTCTGACT--------- 6268

Qy       2192 LeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgPro 2211
              |||      ||||||            |||   |||:::      ||||||      |||
Db       6269 CTGAGTGACAGTCCCCGGCGTGCCCTGGGGCCGCCGGTCCAGGTGCCTGGG------CCA 6322

Qy       2212 LysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArg 2231
              :::      |||||||||   :::   :::      ||||||:::      |||
Db       6323 CGGGCTAGCCTGTCACCGGCCACCCCGGCG------CCGCCTCAGCCTGCGGGGCCGTGG 6376
```

```
Qy       2232 ProProCysSerPro-GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSer----------- 2247
              |||      |||    |||:::         :::|||:::   :::|||
Db       6377 CCTGTTTAGTCTGCGTGGGCTGCGGGCCCATCAGCGTAGCCACAGCAGTGGCGGCTCCAC 6436

Qy       2248 ----------------------AspSerLysAspProSer 2253
                                    ||||||   |||||||||
Db       6437 CAGCCCTGGCTGCACTCACCACGACTCCATGGACCCCTCT 6476

RESULT 11
US-09-935-541-12
; Sequence 12, Application US/09935541
; Patent No. 6589787
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 6503
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-09-935-541-12

Alignment Scores:
Pred. No.:                0               Length:         6503
Score:                    5407.00         Matches:        1234
Percent Similarity:       61.05%          Conservative:   241
Best Local Similarity:    51.08%          Mismatches:     502
Query Match:              44.95%          Indels:         444
DB:                       4               Gaps:           60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-12 (1-6503)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||:::|||   ||||||      |||   |||
Db         64 CCCCCGGGCCCGCCGCCCTGCATGCGCCGTCCCCCTCGCCCCGGGGGCGCA--------- 114

Qy         23 SerAspPro------------ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArg 38
              :::||||||               ||||||      |||||||||   :::   ||||||
Db        115 GCTGATCCCGGAATCCGAGGCGTGGGGCCGGCGGG-GCGCGGGGTCCCTCTCCACGCCGG 173

Qy         39 Met------Glu-ArgAlaProArg------SerArgAspSerProValAla-------- 51
              :::          |||   ||||||      :::||||||   |||   |||
Db        174 CTTCGGGGACACGCGTCAACCCCGCGTCTCTGCCCGGGACGACCCCGCTGCCCGGCCACG 233

Qy         52 -------------------------------------------SerArgSerSerThrTh 57
                                                               ::::::
Db        234 TCCATGCCAAGGGCTCCCTGCTCCACGCTGACATGGCTGACAGCAACTTACCGCCCTCAT 293

Qy         57 rCysProGlyProGly---------------------AlaAlaGlyAla-GlySerThrG 70
               |||      ||||||                     ||||||||||||    |||
Db        294 CTGCAGCAGCCCCGGCCCCTGAGCCGGGAATCACTGAGCAGCCGGGGCCCCGGAGTCCCC 353

Qy         70 luLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGly------------LeuProTyrP 86
                      |||         :::         ||||||            :::|||:::|
Db        354 CTCCATCCCCTCCAGGCCTGGAGGAGCCATTGGAAGGAACCAACCCTGACGTCCCACATC 413

Qy         86 roAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpC 106
              ||   ||||||||||||   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::||||
Db        414 CAGACCTGGCTCCTGTTGCTTTCTTCTGCCTGCGCCAGACCACGAGCCCACGGAACTGGT 473

Qy        106 ysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuA 126
              ||::::::   |||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db        474 GCATCAAGATGGTTTGTAACCCGTGGTTCGAGTGTGTGAGCATGCTGGTTATTCTGCTGA 533

Qy        126 snCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgC 146
              ||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   ||||
Db        534 ACTGTGTGACCCTGGGCATGTACCAGCCATGTGATGACATGGAGTGCCTGTCGGACCGTT 593

Qy        146 ysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValV 166
              ||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:
Db        594 GCAAGATCCTGCAGGTCTTCGATGACTTCATCTTCATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTGC 653

Qy        166 alLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnA 186
              ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        654 TTAAGATGGTGGCCCTGGGCATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGAGACACATGGAACC 713

Qy        186 rgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnV 206
              ||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||:
Db        714 GCCTGGATTTCTTCATTGTCATGGCAGGGATGGTTGAGTACTCTCTGGACCTACAGAACA 773

Qy        206 alSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgV 226
              :::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||
Db        774 TCAACCTGTCAGCCATCCGCACTGTGCGTGTCCTGAGGCCTCTCAAAGCCATCAACCGTG 833

Qy        226 alProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnV 246
              |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        834 TACCCAGCATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTGCTCGACACGCTGCCCATGCTGGGGAACG 893

Qy        246 alLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpA 266
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db        894 TGCTCCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCATTGGCGTGCAGCTCTGGG 953

Qy        266 laGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValA 286
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db        954 CAGGCCTGCTACGGAACCGCTGCTTCCTGGAAGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTGG 1013

Qy        286 spLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnP 306
                |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db       1014 CCCTGCCCCCTTATTACCAACCAGAGGAGGATGACGAGATGCCCTTTATCTGCTCCCTGA 1073

Qy        306 roArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyG 326
                   :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db       1074 CTGGGGACAATGGCATCATGGGCTGCCACGAGATCCCCCCACTGAAGGAGCAG------- 1126

Qy        326 lyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
                |||      |||   |||                  |||:::
Db       1127 --GGCCGGGAATGCTGCCTGTCCAAAGATGATGTGTATGACTTCGGGGCGGGGCGCCAGG 1184

Qy        340 erSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaG 358
                   |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||      |
Db       1185 ACCTCAACGCCAGCGGTCTGTGCGTCAACTGGAACCGCTACTACAACGTCTGCCGCACGG 1244

Qy        358 lyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleA 378
              ||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db       1245 GCAACGCCAACCCTCACAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCGGGATTG 1304

Qy        378 laIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspA 398
                |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||
Db       1305 TGATTTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTATGTGATGGACG 1364

Qy        398 laHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheM 418
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1365 CACATTCTTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTGCTCATCATAGTGGGCTCCTTCTTCA 1424

Qy        418 etIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluS 438
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1425 TGATCAACTTGTGCCTCGTTGTCATAGCAACCCAGTTCTCTGAGACCAAGCAACGGGAGC 1484

Qy        438 erGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerP 458
                :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||:
Db       1485 ACCGGCTGATGCTGGAGCAACGCCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGTT 1541

Qy        458 heSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgL 478
              :::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::||||||||||
Db       1542 ACGCTGAGCCCGGTGATTGCTATGAGGAGATCTTCCAATATGTCTGTCACATCCTTCGCA 1601

Qy        478 ysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuS 498
              |||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db       1602 AAGCCAAGCGC------------------CGTGCCCTAGGCCTCTACCAGGCCCTG---- 1639

Qy        498 erSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerH 518
                                                                         :
Db       1640 --------------------------------------------------------CAGA 1643

Qy        518 isArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrH 538
              ::||||||   :::
Db       1644 ACCGGCGCCAGGCC---------------------------------------------- 1657

Qy        538 isLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspA 558
                :::|||   ||||||
Db       1658 --ATGGGCCCGGGGACA------------------------------------------- 1672

Qy        558 laAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyP 578
                                        |||   |||:::   |||   |||
Db       1673 --------------------------CCAGCCCCTGCCAAGCCTGGGCCC---------- 1696

Qy        578 roProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProV 598
                                                 ||||||            ||||||
Db       1697 -----------------------------------CATGCCAAG---------GAGCCCA 1712

Qy        598 alArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlyS 618
                   |||:::      |||         |||   :::
Db       1713 GCCACTGCAAGCTGTGCCCACGACACAGCCCCCTGGAC---------------------- 1750

Qy        618 erGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysA 638
                            ||||||   ||||||
Db       1751 --------------CCCACTCCCCACACA------------------------------- 1765

Qy        638 laLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProP 658
                ||||||:::
Db       1766 --CTGGTGCAG------------------------------------------------- 1774

Qy        658 roGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisS 678
                   |||   |||::::::
Db       1775 -----CCCATCTCTGCCATTCTG------------------------------------- 1792

Qy        678 erSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspS 698
                                                          |||      |||   |
Db       1793 --------------------------------------------GCCTCTGACCCCAGCA 1808

Qy        698 erCysProTyrCysAlaArg------------------ThrGlyAlaGlyGluProGluS 712
              ||||||||:::|||                        :::|||   |||      :::|
Db       1809 GCTGCCCTCACTGCCAGCACGAGGCAGGCAGGCGGCCCTCTGGCCTGGGCAGCACTGACT 1868

Qy        712 erAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspA 732
              ||                           |||
Db       1869 CAGGCCAGGAAGGCTCAGGTTCTGGTGGCTCTGCAGAGGCCGAAGCCAATGGGGATGGAC 1928

Qy        732 laGlnHisSerAsp-LeuArgAspProHisSer------ArgArgArgGlnArgSerLeu 749
                |||   |||::: :::      |||   :::      |||||||||   |||
Db       1929 TCCAGAGCAGTGAGGATGGGGTCTCCTCGGACCTGGGGAAGGAGGAGGAACAGGAGGACG 1988

Qy        750 GlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPhe 769
              |||         :::|||      |||         ||||||
Db       1989 GGG---------CAGCCCGACTGTGTGGG-GATGTGTGGCGCGAGACACGAAAAAGCTG 2038

Qy        770 ArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsn 789
              |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||
Db       2039 CGGGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACAGAGGTATCATGATGGCTATCCTGGTGAAC 2098

Qy        790 ThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGlu 809
              |||:::|||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db       2099 ACAGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAACAGCCCGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAG 2158

Qy        810 IleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuVal 829
              |||   |||:::||||||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||
Db       2159 ATCTGCAATGTGGTCTTCACCAGTATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAACTGGCCGCC 2218

Qy        830 TyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValVal 849
              :::|||   |||   |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::
Db       2219 TTTGGGCTCTTCGACTACCTGCGGAACCCTTACAACATCTTTGACAGCATCATCGTCATC 2278

Qy        850 IleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPhe 869
              ||||||:::||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||
Db       2279 ATCAGCATCTGGGAAATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCCTGTCTGTGCTGCGCACCTTC 2338

Qy        870 ArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuVal 889
              ||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||
Db       2339 CGGTTGCTGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCATGCCGGCGCTGCGGCGCCAGCTCGTG 2398

Qy        890 ValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIle 909
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2399 GTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTACTCATGCTGTTCATC 2458

Qy        910 PheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp 929
              |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||
Db       2459 TTCATCTTCAGCATCCTTGGGATGCATATCTTTGGCTGCAAATTCAGCCTCCGCACGGAC 2518

Qy        930 ---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThr 948
                 |||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2519 ACGGGAGACACCGTTCCTGACAGGAAGAACTTCGATTCCTTACTGTGGGCCATCGTCACA 2578

Qy        949 ValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSer 968
              |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db       2579 GTGTTCCAGATCCTCACTCAGGAGGACTGGAACGTTGTCCTGTACAATGGCATGGCCTCC 2638

Qy        969 ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeu 988
              |||:::   ||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2639 ACCACCCCCTGGCCTCCCTCTATTTTGTTGCCCTCATGACCTTTGGCAACTACGTTCTC 2698

Qy        989 PheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLys 1008
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::
Db       2699 TTCAATCTCCTGGTGGCTATCCTGGTAGAGGGTTTCCAGGCTGAGGGTGATGCTAATCGT 2758

Qy       1009 SerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGly------------------ 1022
              |||   |||:::   |||      |||   :::::::::
Db       2759 TCCTGCTCTGATGAGGACCAGAGCTCATCCAATTTGGAGGAGTTTGACAAGCTCCCAGAG 2818

Qy       1023 ------AspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
                    |||      |||      :::|||      :::   :::      :::
Db       2819 GGCCTGGACAACAGTAGAGATCTCAAGCTCTGCCCAATACCCATGACACCCAATGGACAC 2878

Qy       1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHis------ThrAlaAlaThrProMet 1058
              |||      ||||||      ||||||      |||         |||   |||
Db       2879 CTGGACCCTAGCCTC------CCTCTGGGTGCGCATCTGGGTCCTGCTGGTACCATGGGT 2932

Qy       1059 SerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArg 1078
              :::   |||:::   |||                     :::         ||||||:::
Db       2933 ACTGCCCCCGCCTCTCACTGCAGCCAGACCCGGTACTGGTGGCCCTAGACTCTCGGAAA 2992

Qy       1079 ThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProPro 1098
              :::|||                     |||         ::::::   :::
Db       2993 AGCAGTGTCATGTCCCTG---------GGCAGGATGAGCTATGATCAGCGATCCTTGTCC 3043

Qy       1099 SerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArg 1118
              |||:::|||||||||   :::   ||||||      :::   :::|||   |||||||||
Db       3044 AGCTCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCCTGGGGCCGCAGTGGGACCTGGGCTAGCCGCCGC 3103

Qy       1119 SerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGlu 1138
              ||||||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db       3104 TCCAGCTGGAAC------------------AGCCTGAAACACAAGCCGCCCTCAGCTGAG 3145

Qy       1139 ArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSer------GlnAspGluGluGluSer 1156
                    |||||||||||||||||||||      |||      :::      |||   :::
Db       3146 CATGAGTCCTTACTGTCTGGGGAGGGTGGAGGTAGCTGCGTCAGGGCCTGTGAAGGCGCC 3205

Qy       1157 SerGluGlu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------- 1169
                 ||||||         |||   :::|||      :::   |||
Db       3206 CGGGAGGAGGCGCCAACTCGCACCGCACCCCTGCATGCTCCACACGCGCACCACGCGCAC 3265

Qy       1170 ------------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAla 1179
                                               ||||||   :::|||      :::
Db       3266 CATGGACCCCACCTGGCACACCGTCACCGACACCACCGCCGGACTCTGTCCCTTGATACC 3325
```

```
Qy        1180 LysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSer 1199
               :::   |||   ||||||   :::   :::   |||   |||   |||      |||:::
Db        3326 AGGGACTCTGTTGACCTGGGAGAGCTGGTGCCCGTGGTGGGTGCCCACTCACGGGCCGCT 3385

Qy        1200 ------GlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGly 1217
                     |||         |||      |||:::||||||||||||:::      :::
Db        3386 TGGAGGGGGGCGGGTCAGGCCCCTGGGCACGAGGACTGCAATGGCAGAATGCCCAAC--- 3442

Qy        1218 ArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsn 1236
                  :::|||:::   :::   |||      |||   :::   |||      :::|||
Db        3443 ---ATAGCCAAGGATGTCTTCACCAAGATGGATGACCGCCGCGACCGCGGGGAGGACGAG 3499

Qy        1237 AspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPro 1256
               :::|||   :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db        3500 GAGGAGATCGACTATACCCTGTGTTTCCGGGTCCGCAAGATGATTGATGTGTACAAGCCG 3559

Qy        1257 AlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPhe 1276
                     |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||:::::::::|||
Db        3560 GACTGGTGCGAAGTCCGCGAGGACTGGTCGGTCTACCTCTTCTCCCCCGAGAACAAGTTC 3619

Qy        1277 ArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIle 1296
               |||:::||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||
Db        3620 CGGATCCTGTGTCAGACCATCATTGCTCACAAGCTTTTTGACTACGTGGTCTTGGCCTTT 3679

Qy        1297 IlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAla 1316
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||
Db        3680 ATCTTCCTCAACTGTATCACCATTGCTCTGGAGAGACCCCAGATTGAAGCTGGTAGCACT 3739

Qy        1317 GluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMet 1336
               ||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   ||||||
Db        3740 GAGCGCATCTTCCTCACGGTGTCTAACTACATCTTCACAGCCATCTTCGTGGGCGAGATG 3799

Qy        1337 ThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSer 1356
               |||:::|||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3800 ACACTGAAGGTGGTTTCTCTGGGCCTGTACTTTGGTGAGCAGGCGTACCTGCGTAGCAGC 3859

Qy        1357 TrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMet 1376
               ||||||||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::
Db        3860 TGGAATGTACTGGATGGTTTCCTGGTCTTTGTGTCCATCATCGATATCGTAGTGTCCGTG 3919

Qy        1377 ValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThr 1396
                  |||      |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        3920 GCCTCTGCTGGGGGAGCCAAGATTCTGGGGGTCCTCCGGGTCCTGCGGCTCCTGCGTACC 3979

Qy        1397 LeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeu 1416
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db        3980 TTACGTCCTTTGAGGGTTATCAGCCGGGCCCCTGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACGCTC 4039

Qy        1417 MetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIle 1436
               :::||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db        4040 ATCTCCTCCCTCAAGCCCATTGGGAACATCGTCCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATC 4099

Qy        1437 PheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAsp 1456
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||
Db        4100 TTCGGCATCCTGGGGGTGCAGCTTTTCAAAGGCAAGTTCTACCATTGTTTGGGAGTGGAC 4159

Qy        1457 ThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHis 1476
               ||||||||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||
Db        4160 ACCCGAAACATCACCAACCGATCTGACTGCGTGGCGGCCAACTACCGCTGGGTGCATCAC 4219

Qy        1477 LysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLys 1496
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4220 AAATACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCATTGATGTCCCTCTTTGTCTTGGCCTCCAAG 4279

Qy        1497 AspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPro 1516
               ||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||
Db        4280 GACGGCTGGGTGAACATCATGTATAATGGATTAGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCA 4339

Qy        1517 IleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAla 1536
               :::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::
Db        4340 GTGACGAACCACAACCCCTGGATGCTACTGTACTTCATTTCGTTCCTGCTCATCGTCAGC 4399

Qy        1537 PhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGln 1556
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4400 TTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGCGTGGTCGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAG 4459

Qy        1557 HisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLys 1576
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4460 CACCAGGAGGCTGAGGAGGCGCGGAGGCGTGAGGAGAAACGGCTGCGGCGCCTGGAAAAG 4519

Qy        1577 LysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
               |||||||||                     :::||||||      |||||||||:::
Db        4520 AAGCGCCGT---------------------AAGGCTCAGAGGCTGCCCTACTATGCTACC 4558

Qy        1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
               |||         |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||
Db        4559 TACTGTCCCACAAGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTC 4618

Qy        1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
               ||||||   :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db        4619 ATTACCTTCATCATCTGCCTCAATGTTGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAACCAGCCT 4678

Qy        1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
                     |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||
Db        4679 ACATCCCTAGAGACAGCCCTTAAGTACTGCAACTACATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTG 4738

Qy        1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
               |||:::|||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||
Db        4739 GAGGCTGTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGCCTGAGGCGTTTCTTCAAGGACCGATGGAAC 4798

Qy        1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
               ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        4799 CAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCGTCATGGGCATCACACTGGAGGAGATCGAG 4858

Qy        1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
               :::|||   :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4859 ATCAATGCCGCCCTTCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGCGTGTTCTGCGTATC 4918

Qy        1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
               ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||
Db        4919 GCCCGGGTGTTGAAGCTATTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACAGTG 4978

Qy        1737 MetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIle 1756
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4979 GTACAGGCTCTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTGCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATC 5038

Qy        1757 PheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCys 1776
               :::|||||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||
Db        5039 TATGCTGCTCTGGGAGTGGAGCTCTTCGGAAAGCTGGTCTGCAATGACGAGAACCCGTGT 5098

Qy        1777 GluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPhe 1796
               ||||||:::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5099 GAGGGCATGAGCCGGCACGCCACCTTTGAAAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACGCTCTTC 5158

Qy        1797 ArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys--- 1815
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db        5159 CAGGTCTCCACAGGCGATAACTGGAATGGAATTATGAAGGACACCCTGCGAGACTGTACC 5218

Qy        1816 AspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSer 1833
                     |||   ||||||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||
Db        5219 CATGATGAGCGCACGTGCCTAAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCACCGCTCTACTTTGTGAGC 5278

Qy        1834 PheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHis 1853
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||
Db        5279 TTCGTGCTCACAGCTCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCCGTGCTGATGAAACAT 5338

Qy        1854 LeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeu 1873
               |||::::::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::||||||:::||||||
Db        5339 CTGGATGACAGCAACAAGGAGGCCCAGGAGGATGCAGAGATGGATGCTGAGATCGAGCTG 5398

Qy        1874 GluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro 1893
               ||||||
Db        5399 GAGATG------------------------------------------------------ 5404

Qy        1894 GlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAla 1913
                        |||:::                  |||   ||||||
Db         5405 ---GCCCATGGCCTCGGCCCCTGCCCTGGCCCCTGCCCTGGT------------------ 5443

Qy         1914 HisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGlu 1933
                                                                |||   |||
Db         5444 ------------------------------------------------CCCTGCCCCTGC 5455

Qy         1934 GluValProValPro---LeuGlyProAspLeuLeuThrVal------------------ 1946
                      |||   |||      ||||||   |||   |||
Db         5456 CCCTGCCCCTGCCCCTGTGCTGGCCCGAGGCTGCCCACTAGTTCACCTGGGGCTCCGGGG 5515

Qy         1947 ArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsn 1966
                |||   ||||||   :::                     :::|||::::::||||||:::
Db         5516 CGAGGATCGGGAGGGGCAGGTGCTGGAGGC---GACACCGAGAGTCACCTGTGCCGGCAC 5572

Qy         1967 ---GlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGln 1985
                      |||   |||:::   :::|||            |||
Db         5573 TGCTATTCTCCAGCCCAGGAGACCCTG------------TGG------------CTGGAC 5608

Qy         1986 SerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeu 2005
                |||   |||::::::         |||         :::   :::   |||      |||
Db         5609 AGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATTGACAACCTG 5668

Qy         2006 ProLysAspVal---HisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla------------------ 2018
                         |||   |||:::         |||   |||
Db         5669 TCTGGGTCCGTCTTCCACCACTACGCCTCACCTGACGGCTGTGGCAAGTGTCACCATGAC 5728

Qy         2019 ------------------------ProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProPro 2030
                                              ||||||            |||      |||
Db         5729 AAGCAAGAGACAGGTCTTCATCCATCCTGCTGGGGGATGACCTGAGTCTTGAGGACCCCA 5788

Qy         2031 GlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSer 2050
                      :::      |||   |||      |||         ::::::|||:::
Db         5789 CGGCCTGCCCACAGGGCCCCAAGGAGAGCAAGGGTGAACTAGAGCCTCCGGAGCCCATGC 5848

Qy         2051 LeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu------ValSerGly 2068
                               :::   :::         |||   ||||||         :::|||
Db         5849 AGGCTGGAGACCTGGATGAATGCTTTTGGCCCTTTGCCAAGCGAGCCAGTGTCCACAGGC 5908

Qy         2069 ProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGln 2088
                |||      |||      |||               ||||||   |||||||||
Db         5909 CCAGAGAG-CCTGCTGTGCGAGAT------------GGGGGCCATTCCATTCAACC-CTG 5954

Qy         2089 GlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArg------------------ 2102
                         |||      ::::::   :::||||||   |||
Db         5955 TCCAGTCCTGGCTCAAACACGAGAGCAGCCAAGCACCCCAGAGCCCTTTCTCCCCGGATG 6014

Qy         2103 ---------------------------------------------------LeuProAla 2105
                                                                   |||||||||
Db         6015 GCTCCAGCCCTCTCCTGTAGATGCCTGCTGAGTTCTTCCACCCTGCTGTGTCTGCCAGCC 6074

Qy         2106 ---------------------------------ProCysProGly------LeuGluPro 2112
                                                 |||||||||         |||:::
Db         6075 AGAAGGGGCAGGAACCGGGCATGAGTGCAGGAACCCTGCCCAAG-ATTGCACTTCAGGGG 6133

Qy         2113 SerTrpAlaLys---AspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeu 2131
                |||||||||            |||            :::|||               :::
Db         6134 TCCTGGGCATCGCTGAGGTCACCGAGTGTCAACTGCACCCTCTTGCGCCAGGCTACTGTG 6193

Qy         2132 SerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAsp 2151
                |||      |||   |||      |||||||||
Db         6194 AGTGACACGTCCTTGGATGCCAGTCCTAGCAGCTCA------------------------ 6229

Qy         2152 LeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeu 2171

Db         6229 ------------------------------------------------------------ 6229

Qy         2172 AspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArg 2191
                                  |||:::      :::      ||||||   :::
Db         6230 ------------GCGGGCAGCCTACAGACCACACTGGAAGACAGTCTGACT--------- 6268

Qy         2192 LeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgPro 2211
                |||      ||||||            |||   |||:::      ||||||      |||
Db         6269 CTGAGTGACAGTCCCCGGCGTGCCCTGGGGCCGCCGGTCCAGGTGCCTGGG------CCA 6322
```

```
Qy         2212 LysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArg 2231
                :::      |||||||||   :::   :::      ||||||:::      |||
Db         6323 CGGGCTAGCCTGTCACCGGCCACCCCGGCG------CCGCCTCAGCCTGCGGGGCCGTGG 6376

Qy         2232 ProProCysSerPro-GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSer----------- 2247
                |||      |||    |||:::         :::|||:::   :::|||
Db         6377 CCTGTTTAGTCTGCGTGGGCTGCGGGCCCATCAGCGTAGCCACAGCAGTGGCGGCTCCAC 6436

Qy         2248 ----------------------AspSerLysAspProSer 2253
                                      ||||||   |||||||||
Db         6437 CAGCCCTGGCTGCACTCACCACGACTCCATGGACCCCTCT 6476

RESULT 12
US-09-949-016-15601
; Sequence 15601, Application US/09949016
; Patent No. 6812339
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: VENTER, J. Craig et al.
;  TITLE OF INVENTION: POLYMORPHISMS IN KNOWN GENES ASSOCIATED
;  TITLE OF INVENTION:  WITH HUMAN DISEASE, METHODS OF DETECTION AND USES THEREOF
;  FILE REFERENCE: CL001307
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/949,016
;  CURRENT FILING DATE:  2000-04-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/241,755
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-20
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/237,768
;  PRIOR FILING DATE: 2000-10-03
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/231,498
;  PRIOR FILING DATE: 2000-09-08
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 207012
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 15601
;   LENGTH: 70308
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Human
US-09-949-016-15601

Alignment Scores:
Pred. No.:              9.78e-114      Length:         70308
Score:                  2055.00        Matches:        697
Percent Similarity:     21.05%         Conservative:   35
Best Local Similarity:  20.04%         Mismatches:     108
Query Match:            17.09%         Indels:         2640
DB:                     4              Gaps:           21

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-949-016-15601 (1-70308)

Qy            4 HisArg------------ValProArg------CysValArgThrProProLeuArgGly 17
                ||||||            :::|||:::      |||      :::      :::   |||
Db         9479 CACAGGCATGATCGATTTATTCCCCAAATGGCTTGTGCAAATAGTCAGGGTATTTGTGGC 9538

Qy           18 SerAlaArgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArg------GlyTrpThr 35
                   :::      :::   :::      |||   |||      |||         |||
Db         9539 TTGTCTTCCTTTACAGATGAGGAAGCTGGGTCCAGAGAGGTGAGATGACCAAGGTGG--- 9595

Qy           36 ArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSer--- 54
                                                 |||||||||         ||||||
Db         9596 ---------------------------------GACTCCCCTTCTCTGATGAGGAGTCTG 9622

Qy           55 ---------------SerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGlyAlaGlySerThr 69
                                        |||   |||||||||         |||
Db         9623 GGGCTGGGGGCTGGTCTGCGTGTATGTCAGGGCCCTGGCACCACACCTGCT---TAGCCT 9679

Qy           70 GluLysAspProGly---------------------------SerAlaAspSerGluAla 80
                :::   :::||||||                              :::
Db         9680 CAGATGGAGCCAGGAGGTAAACGAGGAGGAGGTGTTAGGGCGGGGTCGGGGGGCCGGCCT 9739

Qy           81 GluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSer 100
                :::      |||:::||||||::::::
Db         9740 CAGCTCCAGCCTTGGCCAGCTGTTTCC--------------------------------- 9766

Qy          101 ArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMet 120
```

```
                                               :::   ||||||||||||:::||||||
Db       9767 ------------------------TTGACTGCCAGTACCTGGTTTGAGCGCATCAGCATG 9802

Qy        121 LeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAla 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       9803 TTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCC 9862

Qy        141 CysAspSerGlnArgCysArgIleLeu--------------------------------- 149
              |||||||||||||||||||||||||||
Db       9863 TGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGTGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 9922

Qy        149 ------------------------------------------------------------ 149

Db       9923 GTGTTGTGTGTGTTGGGGGTTGGCCCCTCTTAATCTTAATACCCTCTACTCCTCTGCAAG 9982

Qy        149 ------------------------------------------------------------ 149

Db       9983 AGGCCCTGACCCAACTGGTGGGGACTAGGGTGGGACTAGAGGGTATTCCCTCACCCACGT 10042

Qy        150 ------------------------------GlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhe 159
                                            ||||||||||||||||||||||||||||||
Db      10043 CTCAGTTTCAGCCACCTCTTGTCCCCACATCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTC 10102

Qy        160 PheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyr 179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      10103 TTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGAAAAAGTGTTAC 10162

Qy        180 LeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIle------------------ 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      10163 CTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGTGAGGACCTGGG 10222

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10223 CTGGGGTGGGAGAGCAATGGATCAGATCGGTCCCTTCCCCGGGGCCAGGGTTCTGGGCCT 10282

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10283 GTGACCTCTCAGCTCCAGCCCAGTTACAGCACCACTTTCTCCCTGGCTATCTCCTGAGGG 10342

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10343 TCTGAGGCTGCCCTGCCTCTAGCACTGTAGCCTATATTCTAAATTCCAAGGCCCTATTCC 10402

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10403 TAATTCTGCCCCCTTCTCTGATGGGCAATCTGTCCTTGTCTCGGGGTAGCCTTGCCCCCC 10462

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10463 AGACAGAGAGCCGGATCTTCAGGGTCCCTTGGTGAAGAAGAAGAAGGAGTCAGAGGTCAT 10522

Qy        193 ------------------------------------------------------------ 193

Db      10523 CCTGCTGCCCCTAAAGCAGGATTCCTCATTGACCTCTTGTGACCCCACTGTGGCCTCAGA 10582

Qy        194 ------------------------------AlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeu 203
                                            ||||||   |||||||||||||||||||||
Db      10583 CTCAAAGGGCCTCCCTTTGGGCCCCTCCCTGCAGGATG-CTGGAGTACTCGCTGGACCTG 10641

Qy        204 GlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIle 223
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      10642 CAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATT 10701

Qy        224 AsnArgValProSer--------------------------------------------- 228
              |||||||||||||||
Db      10702 AACCGGGTGCCCAGTGAGTGACCCCTCAGCCCTCAGCCCCTGAAGAGAGCCCCAGGAGGA 10761

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      10762 AATGTGGAACTCTCAGACCCCACCTCTACTACTGTGTCCTCACCTGACCCCTCACAGGCC 10821

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228
```

```
Db      10822 CCGTCAGAGAAGGGCTCAGTGGGGAGCTGGGATTGCTGGAACAAAATGGAACTCCTGAAT 10881

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      10882 GTGGCACTATGGGAGTTACCTGGGAAAACCCCACCTCATTTTAGCCTGGCTTTAGGTCAG 10941

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      10942 AGTCTCAGAAACATCTCAGATGACCCTCTTCCTTCAGCTAGATGACCACTCCCCCCAGGA 11001

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11002 GGATAGGGGTGTGGGGACTGGAGAGGCTGACAGGCAAGGAGTGGACGCAAAGTGCTAATG 11061

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11062 GCCTTTTCTAGCCAGAACAGCCTCTCATGCAATCTGGTTCTTGCTGGTGAGACACGCTGG 11121

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11122 CCACGCTGAACGTGACTTCTCTCAAGACAAGGCCACTCCATGTCTCACCCTCCGCCTCTG 11181

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11182 TCCCCTTCCTCCTTCCCGCCCCCTTCCAACCCATTGCAGTAACTGCCGGGCCCATTATCT 11241

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11242 AAATTAAACTGCATTGGTTTCTGGAGCCAGCGAGGCTTTGGCAGCTCTAGTTCTCCCTAC 11301

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11302 ATACTGCCCCCTCCCTTTGCTCAGGCCCCCTTTGCAACTCCCCAACCTACACAAGCTGCA 11361

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11362 GATGGTCCCTGCTGTGGTCCTAGGAGTGGGGTGGTTGGCGAGGAATGCATGTTTCTGGGG 11421

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11422 CTCAGTGCCTGTTTGTGTACCTGATGTAGCAGCAGCCCCCTGCGCTCTGTGTGTGTGTGT 11481

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11482 GTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGATGTTGCTGCTGCCCCTGGGAGG 11541

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11542 GCAGAGCTGTTGAATGTGTCCTCTGGGGCTCGGGGTGTGTTGGTGTTAACAGGAGCTCCA 11601

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11602 GAAGAGGGGCATGCCTCGCCTCCTCTCCCGCCCCAGGTGATGGCTGGCAGATTTATAGGC 11661

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11662 CTCTGTCTAACCACCGGTGTAATTCCCTTAATGCAAACCCTGAGGAATTGATCTCAGTTG 11721

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11722 GAGCACAGAGAAGCTGAAGGGGGATGGGGTAGGAGGAGGGGGAGGGAGACTGAGTGAGAA 11781

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11782 AACTGGGCTGGCAGGGGCGAGGCTGGGCGCTGCAGTCACCAAGAGGGTTAATTAGCTGCT 11841

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11842 GCTTAGCAGCTTTTGCCCTGGAGGGGCCAGGGGGCCATAGATGGCACTTTGGGGGTGAAG 11901

Qy        228 ------------------------------------------------------------ 228

Db      11902 CCAGCCATTAGAGATCTGTCTGCTTGACGAGGGCTTGGCGGACTGGGGGCTGGTTCAGAC 11961
```

```
Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    11962 CATTTGGGCCGGTTGGGTTCTAGACCTGGAGTACGGAGAGAGGGAAGTAACCCTAACAGG 12021

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12022 GCTTTTGAGGAGGGGGTTTCAGTGGCTTTCCCTATGGAGGGGGTTGTAAATTGATGGACT 12081

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12082 TCTGAGAAGACAGTATTGTATCTCTTCAGGTCCTGATTTGGGGATCTGGACCAAGCAGGG 12141

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12142 AATAGTTTCAGGGAAGCAGGGCTCAGAGCCATAGTGAAGCACAGGGCATCTTGGCCCCTG 12201

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12202 CCTAGGAGCTGGCTCTCAAAATGAGATTCCTGCCTGCTGTCATTCCTCCTGGAGTTCGCT 12261

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12262 GCCTCAGTTTCCCTAATGACTCTGGTGGTGATAACTTAGAAAGGTCAAGTGACTGTGCCT 12321

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12322 GTTGAGAGAAGGAAGTAGGTAGGGAGTGTGCGTGTGAATGTGTGCGGGTGTGGGTGTGTG 12381

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12382 TTGGAGAGGGATTCGGAAGCCAAAGCCTGGGTTCGAGTTCCGGCACCTACACTTAGCAGC 12441

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12442 TGTGTGATACTGGGTGAGTCAAGTCATTTCTCCAAGCCTCAGACTTCTCATCTGTGAATT 12501

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12502 GGGAGTGATATTATCCACATGTGATGATGTTGGGAGAGTTAGGAGGGGCCACAGTTTCCC 12561

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12562 CAGCTCACTGTTGGTGGTACTGTGCAGATTACCGTGGGCAAGCCACAAGGGGAAGTGGGT 12621

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12622 CGGGGCAAGGGGCTGCAGAGGCTATCTGGGGAGTCAGAGGTGTCTGTTGGTCTCCCCTCC 12681

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12682 AGCTTGAGCCGGGCCGTCTCAGCCTCAGAGTCCCTGGTGGGGCCCCTCCGGGAGTGCTGC 12741

Qy      228 ------------------------------------------------------------ 228

Db    12742 CGGGCCGTGGCAGTCAGCCTAGCCCGGCCAGCCTGGTGTCCCCAGCGTGGCTTCTGCCCC 12801

Qy      229 -------MetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnVa 246
                   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    12802 CACAGGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGT 12861

Qy      246 lLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAl 266
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    12862 CCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGC 12921

Qy      266 aGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeu-------------- 281
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    12922 AGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTGTGAGTGGTGGACAG 12981

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    12982 GGTCCAGGGAGGACCTGGGAGTGGTTATGGGGCTGGGCACCCCCCCAAGTTCCTCACTTC 13041
```

```
Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13042 CGGTTGCTACTGACATATCTGTTCTAACATCTGAGACATATCTGGTTCTCAAACTTGGCT 13101

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13102 ACCCATTGGAACCACCTGGGGAGTTTTAAAAAGTACTGATGCCTGGGTGCCACCTCCAGA 13161

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13162 GATTCTGATTTCATTGCTCTGGGGCTCAGCTTGGATGTAAGGATTTTTCAACCCCTCCA 13221

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13222 GTGATCCTAACTTGCAGTGAAATTTGAAAATCACTATTCCAGGATGTGACCTTCCAACAT 13281

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13282 CCTGAGTCTGGAGTTTCCCCACTCAGGCCTCATGCTCCTGGTGCCCACAAATCCCTGCCC 13341

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13342 TGCCCAGTCCCTTCCCCATTCTTGGTTCTGCCCTGCTCACCCTATATGCCTCGAGCACTC 13401

Qy      281 ------------------------------------------------------------ 281

Db    13402 GTGCCATCTCTCCCTTCCTGGGCCCTCTCCCTGGAGAGCCCACTCCCCAGTCTCACCCCT 13461

Qy      282 ----------------------ProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGl 294
                                  |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||
Db    13462 GTTCCCCTTCCCATCCTGCAGCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGA 13521

Qy      294 uAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCy 314
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    13522 GAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTG 13581

Qy      314 sArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTy 334
            |||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||
Db    13582 CAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTA 13641

Qy      334 rGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAs 354
            ||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    13642 TGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAA 13701

Qy      354 nCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTy 374
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    13702 CTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTA 13761

Qy      374 rAlaTrpIleAlaIlePheGln-------------------------------------- 381
            ||||||||||||||||||||||
Db    13762 TGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTGGGGCAGCCTGGGCCCCGGGAGCTTCCCCAGAACAC 13821

Qy      381 ------------------------------------------------------------ 381

Db    13822 CAGCCCCAGGACACAGCCCAGGATCGGAGTGGTCGCTCTCAGGGTTGGGGTGGGGGTCAA 13881

Qy      381 ------------------------------------------------------------ 381

Db    13882 GGCCTCTGGAGGAGACTGAAGGAGGATTTGGTGGGCCCATAGTCAGCCTGCCCCTCTGCA 13941

Qy      382 --------ValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaH 399
                    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    13942 CCCCCTAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTC 14001

Qy      399 isSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIle------------------- 412
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    14002 ATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCAT-CGTGAGTGACTCCTCAGAT 14060

Qy      412 ------------------------------------------------------------ 412

Db    14061 CCCCGTGGGGATGGGCGATCCTGGGGACACCTGTGGGGGCAGTCCAGAGAGGGGATAGTT 14120

Qy      412 ------------------------------------------------------------ 412
```

```
Db      14121 TGCTCTGTCTGAAGTTTTTAGCTCTCAGGACAAGTCCTGTAGAGAGGGCATCCATCATAT 14180

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14181 AGTAGGAGGGACACCAGATGCAGAGTCAGGAGGAAATCCAAGGTCAAGGCGGGACTTAAC 14240

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14241 TGCTATTGGGACCTTGGGCAAGTCATTCTCCATGAGGCCTCCAGCACTGCTCTGGGCCTC 14300

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14301 TGTTTCTTCATGGGTAAAATGAATGGTTCTCAACCTGAGATGATACCACCTCTCCCAGAG 14360

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14361 GGCATTTGGAAATGGGAAAGGGTGATTCTGGTTTTGATTTTTTTTAATAGCTTTATTGAG 14420

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14421 ACATAACTCACATATCATTCAATTCATCCCTTTGAATGAATCCAGTGGTTTTTTAAGCAT 14480

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14481 GTTTACAGAGTTCTGTTTTTTTGTAAGGACAAGGGGAGTGCAATTGGCAATTTGTTACTG 14540

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14541 GGGGAGGGGAGAGAAGCTAAACATCCTGAAATGCTTGCAAATAAAGAATTATTCTACCCA 14600

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14601 AAATTCTGATCAGTGATCAATTGGTGTTAAATGCTGCCTGATCTCTTATTCCTGCCAGTT 14660

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14661 CAGAAATTGCCAGACTTTAAGAAGGCAGAAGACGGAGGCAAAAGCAGCAATATTTAATAG 14720

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14721 TTTTAATCACTACCATTCATAGTTAATAACTTCATCGCCACCACTTTGAGCTAATATTTA 14780

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14781 TTGAGCACTTACTATGCGCCAGCCCCTGATCTAAGCACTTTCAATGTGCTGGTGCATTTA 14840

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14841 ATCCTCACCGTGATCCTCTCCATTTTACAGATGAGGAAACTGACATTTCCTCATTTATCT 14900

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14901 GACCCTACCAGACGCTTTGCCTATGCTGTGTATTAATCTCCAAGAGTGGGGCATCACTGC 14960

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      14961 TGACGTATGCTGTAACATCTGCTGCCTGTTTAATCCTCGTCGTCCCCTGTGAGGTGCCAG 15020

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15021 GGCAGGGATTGTGGTCCCCATCTCTTAAATGAGAATTCAGCGCCCCAGAGGGTGGGTCAC 15080

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15081 TGGGCCAAGATCACACAGAAAGTAAGCGGCTGGGGCTGAGAATTCAGTCCCAGGCTAACG 15140

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15141 ACTCCACATTCAGCCTTTCTTCCATGTCACCAAGAGGCCAACGACAGAGCCAGACAGAGG 15200

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412
```

```
Db      15201 GACAGACATTGAGAGAAAGAGATTAAGAAAGATTAAGATCTACTCAGGACCTAGGACTAG 15260

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15261 CTCCAGAGAGAGATGAAGACAAAATAAGGCAGCTCCTTGTGAGAGACAGAGGGTAGGCCC 15320

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15321 TGAGAAAGAGCAAGTCCCCAAGGCCACCTCATTCTGCCTGCGTAACTTCCCCTGGTGCGG 15380

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15381 AAGAGTGGGCAGGCTTGGGGCGAAGCCTGACTGGAGGCCTGTTCCCATCCCTGGCCACCA 15440

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15441 CCTCAAGGGGTGAGGCCAGTGCTTCAGGGAAGTGGGGTCTTCTCACCATGTGCCCCCCCC 15500

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15501 ACCCCCACTCCCTTTCCCTCCTGGGCTTGGGAGAGGGGGAAGGAAGCAGACAGGGAGATA 15560

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15561 AGGGGCCTAGTTTCCACCCTCCCACACACCCCCTGAAAAATCTTTCCTAACAGCTCTCTG 15620

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15621 GAATCACACTAGTGAAGCTAATTATCATAATTACTAGGACACGATCTAGAAAAAAAAAAT 15680

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15681 CTGCTTTGTCACCATAAATATTCATTTCCTTCATTTGGGATTGTTGTCCAAGCAATGGCT 15740

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15741 GTTCCAGAGTTCTGGGGAAACTGAGGCGTGGAGATGGGGACTGGGGTAGTGTGAGCAAGT 15800

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15801 CAGGTGGCAGCCTGACTAGTCTGTAGGGTCAAGGGTTCAGCCCCTCCCACATCTGAGGGA 15860

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15861 GGGGGGCACAGGGAAAATGGGGACAGACAAGGCCAATGGTCCCTGTTTTCAGATGAGGAT 15920

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15921 ATGAGGTCCCATGGCTAAGGGTCTCTCGCCCAAAGTCACACAGCTAGAATTGGGGCTAGA 15980

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      15981 AGCAGGAGTCTTGTAAATGATGTTTTTGTCAAGATCTCAAGGCTCAATATAATTTGAAAA 16040

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16041 CCCCATGTCCCTAATATTGCGTTCATTTCCACAGCATTCGCTACTCCTAATGGAAATTGC 16100

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16101 GGAAGGGGTGCTGCGTCTCTGCAGGTGTGCGTGTTTAGGGACAGGGAATTTGAGAGATTG 16160

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16161 CAGGATAACACCATGTTCAATAGCAATATCTTGGAATTTCATAGAGCTTGGTTCCAGTCT 16220

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16221 TAGCCTTGCTCTGAATTAGCTGAGTGATCTTGGGCAAATGTTTGACCTCTGTGGACCTGA 16280

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16281 GTTTCCTTACCTGTCTGATGGAGATTACAATAGCATCACCTCCTGAGGCTGTCTTAAAAA 16340
```

```
Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16341 TAAAATGAGATAATGCTTGGAAAATAACTGAGCGTGGCGCTTGGCTCATAGGAATGCCTC 16400

Qy        412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      16401 CGTATGTGGTGGCTGGCATTGTGATTCACTTTTCTTCAGGACATTTCCTCTTCCTGTCCC 16460

Qy        413 -----------ValGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrG 429
                         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16461 CACCCCTACAGGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGC 16520

Qy        429 lnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheL 449
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16521 AGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCC 16580

Qy        449 euSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuL 469
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16581 TGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGC 16640

Qy        469 euLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgA 489
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16641 TCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGG 16700

Qy        489 laIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProG 509
              ||   |||||||||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |
Db      16701 CAGCAGGTGTGCGGGTTGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCC 16760

Qy        509 lnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisH 529
              ||||||||   ||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16761 AGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACC 16820

Qy        529 isHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgA 549
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db      16821 ACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGACGCTCAGGGCCCCCCGGG 16880

Qy        549 laSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProP 569
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      16881 CCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCCGGCTCATGCTGCCACCAC 16940

Qy        569 roSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheT 589
              |||||||||||      ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db      16941 CCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCT 17000

Qy        589 yrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProS 609
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db      17001 ACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCAT 17060

Qy        609 erGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerP 629
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      17061 CTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCC 17120

Qy        629 roProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProP 649
              |||||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||
Db      17121 CTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCC 17180

Qy        649 roThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuG 669
              ||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||
Db      17181 CAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGG 17240

Qy        669 luThrGlnSerThr---------------------------------------------- 673
              ||||||||||||||
Db      17241 AGACACAGAGTACAGGTGAGAACTCTGGGTGGAGGCATGTGGGTGCCCTCGTCTGGGGAC 17300

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17301 TGGGTGGCGTCCCAGAGGGGACTAGGGGGTCTGGAGTCAGAGGGACCAGGGCTTATATTC 17360

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17361 TCATGCTGCCTCTCATGGCTTAGGCACCTTCAACCAGTCACATCCCTGCTATGAGCTCGA 17420

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17421 ATTTTCTCATCTGCTAAAGTGGAACTCATAATTCCTACATTGTAATAGCAGTAACTATCA 17480

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17481 TGTAATAAGCACCTGCTTCGTGCTGTTTGCAATGATGTCTAGCAACTGTTGCACACAGCA 17540

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17541 ATGGCTGTGTGCCTGTCACATGCTTTGCGGGCAAAATTCCATTGGATCCTCTCTACCCAT 17600

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17601 TAAGTGATAGGCTTTCTTAGCATCCCCATTGTGTGGATGAGAACCAGGAGGCTTGAGGGG 17660

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17661 ATTGCATGACTTGCCCAAGGCTTTGCTATTGGTGAGGGGCGGACTCGGGGCCCGCACTCG 17720

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17721 GGACTCCTTGTTGTGAGGCTCAGAGAGGAAATGGTGTGTGACTGTGCCCAGCTTCATGCC 17780

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17781 CCACTGGCTAAACCTGAGTCTCATTGCCTCCGCACAGGGAGACCCAGTTCAGGGAGCTGC 17840

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17841 TTGTCTGATGGGTGACACTCCCAGTGTCGTGGGGGCAGTGAGACACATAGGGACGTCGGG 17900

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17901 CTCTCCCCAGCAGACAGGTTCACTGTAGCTGCAGCCCACGGCCTGTGTTTCAGGAAGGAT 17960

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      17961 GTGGCACGTGGGGAGCAGCGGGATATTCGTGGGGATGTTACGTGGGAATGTGGGCTGGGA 18020

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18021 CCAGAAGGTGCTATCACAGAACCCAGAGCGAAAGGTTTCTATGCCAGCTCCTCCACTACC 18080

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18081 CTGCCACGGGACGTGGGCCAGTCACATGCACCCACGTTTTTATTTCCTCCTGTGTAAAAG 18140

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18141 GCAAGGCTGGGCCCATAATTACTCTCAGTGGGTGCTTACTGACTCCCTCCTGTGTGCAGA 18200

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18201 TGCAGTCAAGGGAGAAATGTCGCTGAGAGCCCACCTGGGGCCAGGCCCTGAGCGGGGGGC 18260

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18261 TTCCACATCCATGCTTTACCTGGTACTCTCTGAGGTTCTCATATTCTGTGATCAAAGCTG 18320

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18321 GATTTAAAGGGACATTGATGTCTTGGGCTAGGTCCCTGAGTGTGTGCGCACGAGTGCATC 18380

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18381 TAGTATGCGTGTATGCGTCTATGTCCATGAAGGGGTCCAGTGTGTGTGTGTGCGTGTGTG 18440

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18441 CATGCACGTGTCTGGTGTTCATATGCATATGTGTGCACATGTGCTTGATGTGTGTAGGTG 18500

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673
```

```
Db      18501 CATGTGCGATGTGAAGCTCTTTCCTTGGTGTGTGTGCATGTGTGCATATGTCTGGCATAT 18560

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18561 GTGCCGTGTGTGAATGTGTTTGTGCACACATGTGTTGGTATGTGCATGTATGTGTGCCCA 18620

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18621 TATGGTGGTGTCCAAATAGTATACATGTGTACACGAGTGTGCGCATCTGGAGCACGTGTG 18680

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18681 CAGGTGCACGTGTCTGGTGTGGGTGTGTGTGCAAGTGCACGTGTGTGGGCGTGTCTTAAG 18740

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18741 GATCCCATGGAAAGTGCTGCTCAGAACAGTGTTGATGTAGTCCTGGCTTCTGGGAAGGGG 18800

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18801 AAGGGGAGCGAGGCTCCTTGCTGAAGGCACCTAGGATATAGGAGCTGTCCAGGACCTCAG 18860

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18861 AGGACATCCAGGCCACCTCTCTGAGCCCCAGGACACTCAGCAGTGACTGTCAATGAAGTG 18920

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18921 CTATTGACATTAGGGCATCTTGTGGGTCAAGACTGCCCACCTTGCCTGACATTCAGCACC 18980

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      18981 CCTGGCCCACTAAGTGCCTAGCACCCCATCACTGTAACAACCCCAGACTCCCTGACTCAT 19040

Qy        673 ------------------------------------------------------------ 673

Db      19041 TTTACACATACTCACAGGGCAGGGTAGCCCCAGGTACGAGACTCTGGAGCCTCTCACCTC 19100

Qy        674 ---------------GlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLys 688
                             |||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   |||
Db      19101 TACTCTCCTGTTCCAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAA 19160

Qy        689 AlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGly 708
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db      19161 GCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGG 19220

Qy        709 GluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPhe 728
              |||   |||   ||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      19221 GAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTC 19280

Qy        729 ThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSer 748
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||
Db      19281 ACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGC 19337

Qy        749 LeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThr 768
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      19338 CTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACC 19397

Qy        769 PheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuVal 788
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      19398 TTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTC 19457

Qy        789 AsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeu 808
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||         |||
Db      19458 AACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGGTAGGAGAGTGGGCAGAGGCA--- 19514

Qy        809 GluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeu 828
                                         |||                  |||   |||
Db      19515 ---------------------------GGGCTCCTGCCAGCTGCTTTTCGCCTGGGGCTG--- 19547

Qy        829 ValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleVal 848
                    ||||||         ::::::   |||                  :::   :::
Db      19548 ------GGGCCTTCTACCTCCCTCCGCACCCCTCCTCCTGAGCTCAGCTTCCTCTCCATG 19601

Qy        849 ValIleSer-ValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgTh 868
              :::::::::    |||::::::   |||:::   |||   |||         :::
Db      19602 CTGCTAGCCCACCTGGCAGGTAGGAGGGGAGGTGGGTGATGGA------GCAATGCATGG 19655

Qy        868 rPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPhe----------------------- 880
                     |||      |||||||||:::      :::
Db      19656 GGATTCTCTAGAGGGAGTGCTTAAAGTCTCTGAGTATGGAGGTCGCCTCAGGTAGGCCAC 19715

Qy        881 ----------LeuPro------AlaLeuGlnArgGlnLeuValVal 890
                        ||||||      |||   ||||||:::|||   :::
Db      19716 AGGGTATGTTCTACCCAGGAAGGCTGCTCAGAGGAGGCTGGCTTTG 19761

RESULT 13
US-08-984-709A-51
; Sequence 51, Application US/08984709A
; Patent No. 6320032
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Williams, Mark E.
;    APPLICANT:  Stauderman, Kenneth A.
;    APPLICANT:  Harpold, Michael M.
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN CALCIUM CHANNEL COMPOSITIONS AND
;    TITLE OF INVENTION:  METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  52
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Heller Ehrman White & McAuliffe
;      STREET:  4250 Executive Square, Suite 700
;      CITY:  La Jolla
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  US
;      ZIP:  92037
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Diskette
;      COMPUTER:  IBM Compatible
;      OPERATING SYSTEM:  DOS
;      SOFTWARE:  FastSEQ Version 1.5
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/984,709A
;      FILING DATE:  02-DEC-1997
;      CLASSIFICATION:  435
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Seidman, Stephanie L.
;      REGISTRATION NUMBER:  33,779
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  24735-9815 (formerly 6362-9815)
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (619) 450-8400
;      TELEFAX:  (619) 587-5360
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  51:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  1669 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    HYPOTHETICAL:  NO
;    ANTI-SENSE:  NO
;    FRAGMENT TYPE:
;    ORIGINAL SOURCE:
US-08-984-709A-51

Alignment Scores:
Pred. No.:                4.21e-111      Length:         1669
Score:                    1974.00        Matches:        422
Percent Similarity:       57.91%         Conservative:   39
Best Local Similarity:    53.02%         Mismatches:     86
Query Match:              16.41%         Indels:         250
DB:                       3              Gaps:           8

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-08-984-709A-51 (1-1669)

Qy        141 CysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePhe 160
              |||   |||:::||||||   ||||||:::|||||||||   ||||||||||||||||||
Db        2 TGCGGCTCCGAGCGCTGCAACATCCTGGAGGCCTTTGACGCCTTCATTTTCGCCTTTTTT 61

Qy      161 AlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeu 180
            |||||||||||||||:::||||||||||||||||||:::||||||:::||||||||||||
Db       62 GCGGTGGAGATGGTCATCAAGATGGTGGCCTTGGGGCTGTTCGGGCAGAAGTGTTACCTG 121

Qy      181 GlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSer 200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db      122 GGTGACACGTGGAACAGGCTGGATTTCTTCATCGTCGTGGCGGGCATGATGGAGTACTCG 181

Qy      201 LeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeu 220
            ||||||      |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      182 TTGGACGGACACAACGTGAGCCTCTCGGCTATCAGGACCGTGCGGGTGCTGCGGCCCCTC 241

Qy      221 ArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeu 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      242 CGCGCCATCAACCGCGTGCCTAGCATGCGGATCCTGGTCACTCTGCTGCTGGATACGCTG 301

Qy      241 ProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleVal 260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      302 CCCATGCTCGGGAACGTCCTTCTGCTGTGCTTCTTCGTCTTCTTCATTTTCGGCATCGTT 361

Qy      261 GlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSer 280
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||         |||   
Db      362 GGCGTCCAGCTCTGGGCTGGCCTCCTGCGGAACCGCTGCTTCCTGGACAGTGCCTTTGTC 421

Qy      281 LeuProLeuSerValAsp---LeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSer 299
                     ::::::      |||   ||||||||||||||||||      :::|||:::
Db      422 AGGAACAACAACCTGACCTTCCTGCGGCCGTACTACCAGACGGAGGAGGGCGAGGAGAAC 481

Qy      300 ProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThr 319
            |||||||||||||||      |||:::|||||||||:::   |||      :::|||   
Db      482 CCGTTCATCTGCTCCTCACGCCGAGACAACGGCATGCAGAAGTGCTCGCACATCCCC--- 538

Qy      320 LeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsn--- 338
                  |||                  ||||||:::|||   :::|||   |||      
Db      539 ------GGCCGCCGCGAGCTGCGCATGCCCTGCACCCTGGGCTGGGAGGCCTACACGCAG 592

Qy      339 ------------------SerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyr 352
                                 ::::::         |||:::||||||||||||||||||
Db      593 CCGCAGGCCGAGGGGGTGGGCGCTGCACGCAACGCCTGCATCAACTGGAACCAGTACTAC 652

Qy      353 ThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIle 372
                  |||   :::|||:::   ||||||      ||||||||||||||||||||||||
Db      653 AACGTGTGCCGCTCGGGTGACTCCAACCCCCACAACGGTGCCATCAACTTCGACAACATC 712

Qy      373 GlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMet 392
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      713 GGCTACGCCTGGATTGCCATCTTCCAGGTGATCACGCTGGAAGGCTGGGTGGACATCATG 772

Qy      393 TyrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIle 412
            |||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      773 TACTACGTCATGGACGCCCACTCATTCTACAACTTCATCTATTTCATCCTGCTCATCATC 832

Qy      413 ValGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGlu 432
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      833 GTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCGGAG 892

Qy      433 ThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAla 452
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||   |||||||||   
Db      893 ACGAAGCAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGGGCACGCCACCTGTCCAACGAC 952

Qy      453 SerThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeu 472
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||            
Db      953 AGCACGCTGGCCAGCTTCTCCGAGCCTGGCAGCTGCTACGAAGAGCTG------------ 1000

Qy      473 ValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyVal 492

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      493 ArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGly 512

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      513 SerCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHis 532

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      533 HisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGlu 552

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      553 IleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrPro 572

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      573 ThrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAsp 592

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      593 CysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSer 612

Db     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Qy      613 GlyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGlu 632
                                          |||   :::|||                  
Db     1001 ------------------------------CCCGTACTGCAC------------------ 1012

Qy      633 IleLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGly-ProProThrLeuTh 652
                                             |||   ||||||    |||        
Db     1013 ---------------------------------CCGTGCCCTGGAGGACCCG-------- 1031

Qy      652 rSerPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSe 672

Db     1031 ------------------------------------------------------------ 1031

Qy      672 rThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGl 692
                                                       |||   ::::::|||||
Db     1032 -------------------------------GAGGGTGAGCTCAGCGGCTCGGAAAGTGG 1060

Qy      692 yAlaCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSe 712
            |
Db     1061 A----------------------------------------------------------- 1061

Qy      712 rAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAl 732
                               |||||||||         |||||||||||||||||||||  
Db     1062 -------------------GACTCAGATGGCCGTGGCGTCTATGAATTCACGCAGGACGT 1102

Qy      732 aGlnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAs 752
             :::|||   |||      ||||||                     :::      |||  
Db     1103 CCGGCACGGTGACCGCTGGGACCCC---------------------ACGCGACCACCCCG 1141

Qy      752 pAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIl 772
                ||||||      :::         |||                     |||:::||
Db     1142 -GGCGAGCCAGGCTGGATGGGCCGCCTCTGGGTTACCTTCAGCGGCAAGCTGCGCCGCAT 1200

Qy      772 eValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSe 792
            |||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||
Db     1201 CGTGGACAGCAAGTACTTCAGCCGTGGCATCATGATGGCCATCCTTGTCAACACGCTGAG 1260

Qy      792 rMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAs 812
            |||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1261 CATGGGCGTGGAGTACCATGAGCAGCCCGAGGAGCTGACTAATGCTCTGGAGATCAGCAA 1320

Qy      812 nIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyPr 832
            ||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||      |||||
Db     1321 CATCGTGTTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTGGCCTGCGGCCC 1380

Qy      832 oPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerVa 852
            |   |||||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db     1381 TCTGGGCTACATCCGGAACCCGTACAACATCTTCGACGGCATCATCGTGGTCATCAGCGT 1440

Qy      852 lTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMe 872
            |||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||::
Db     1441 CTGGGAGATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCTTGTCTGTGCTGCGCACCTTCCGGCTGCT 1500
```

```
Qy        872 tArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMe 892
              :||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||::
Db       1501 GCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTTCTGCCAGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTGGT 1560

Qy        892 tLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePh 912
              :||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db       1561 GAAGACCATGGACAACGTGGCTACCTTCTGCACGCTGCTCATGCTCTTCATTTTCATCTT 1620

Qy        912 eSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGlu 927
              ||||||||||||||||||||||||||||   :::         |||
Db       1621 CAGCATCCTGGGCATGCACCTTTTCGGCTGGCAAGTTCAGCCTGAA 1666

RESULT 14
US-08-455-543A-7
; Sequence 7, Application US/08455543A
; Patent No. 5792846
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Harpold, Michael
;    APPLICANT:  Ellis, Steven
;    APPLICANT:  Williams, Mark
;    APPLICANT:  Feldman, Daniel
;    APPLICANT:  McCue, Ann
;    APPLICANT:  Brenner, Robert
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN CALCIUM CHANNEL COMPOSITIONS AND
;    TITLE OF INVENTION:  METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  57
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Brown, Martin, Haller & McClain
;      STREET:  1660 Union Street
;      CITY:  San Diego
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  92101-2926
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Diskette
;      COMPUTER:  IBM Compatible
;      OPERATING SYSTEM:  DOS
;      SOFTWARE:  FastSEQ Version 1.5
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/455,543A
;      FILING DATE:  May 31, 1995
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/223,305
;      FILING DATE:  April 4, 1994
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  07/868,354
;      FILING DATE:  April 10, 1992
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/745,206
;      FILING DATE:  15-AUG-1991
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/620,250
;      FILING DATE:  30-NOV-1990
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/482,384
;      FILING DATE:  20-FEB-1990
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/603,751
;      FILING DATE:  04-APR-1989
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  WO PCT/US89/01408
;      FILING DATE:  04-APR-1989
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/176,899
;      FILING DATE:  04-APR-1988
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Seidman, Stephanie L.
;      REGISTRATION NUMBER:  33,779
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  6362-52517
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (619)238-0999
;      TELEFAX:  (619)238-0062
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  7:
```

```
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  7362 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  144..7163
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  5'UTR
;      LOCATION:  1..143
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  3'UTR
;      LOCATION:  7161..7362
US-08-455-543A-7

Alignment Scores:
Pred. No.:               2.92e-96      Length:         7362
Score:                   1745.50       Matches:        662
Percent Similarity:      37.80%        Conservative:   356
Best Local Similarity:   24.58%        Mismatches:     879
Query Match:             14.51%        Indels:         798
DB:                      1             Gaps:           84

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-08-455-543A-7 (1-7362)

Qy         14 ProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGly 33
              ||||||         ||||||||||:::         |||||||||   |||.  ||||||
Db         66 CCGCTCTGAGCGCCTGCGCGCCCCGCGCCCTCCCTGCCGGGGCCG---CTGGGCCGGGGA 122

Qy         34 TrpThrArg-ArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerAr 53
                 ||||||    |||         :::                        |||
Db        123 TGCACGCGGGGCCCGGGAGCCATGGTCCGCTTCGGGGACGAGCTGGGCGGCCGCTATGGA 182

Qy         53 gSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly---AlaGlySerThrGluLysAs 72
               :::               ||||||||||||||||||   ||||||         :::
Db        183 GGCCCCGGCGGCGGAGAGCGGGCCCGGGGCGGCGGGGCCGGCGGGGCGGGGGGCCCGGGT 242

Qy         72 pProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeu------------------------- 83
               ||||||         |||   |||   |||
Db        243 CCCGGGGGGCTGC---AGCCCGGCCAGCGGGTCCTCTACAAGCAATCGATCGCGCAGCGC 299

Qy         84 -------ProTyrProAlaLeuAlaProVal----------------------------- 91
                     |||:::            |||:::
Db        300 GCGCGGACCATGGCGCTGTACAAC-CCCATCCCGGTCAAGCAGAACTGCTTCACCGTCAA 358

Qy         92 ----ValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrVa 110
                        |||      |||:::|||:::      |||   :::      |||
Db        359 CCGCTCGCTCTTCGTCTTCAGCGAGGACAACGTCGTCCGCAAATACGCGAAGCGCATCAC 418

Qy        110 lCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLe 130
                     |||   ||||||   :::   :::      |||:::   ||||||:::   ||
Db        419 CGAGTGGCCTCCATTCGAGAATATGATCCTGGCCACCATCATCGCCAACTGCATCGTGCT 478

Qy        130 uGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGl 150
              |   :::            |||            |||      :::    . :::   ::
Db        479 GGCCCTG------------GAGCAGCACCTCCCTGATGGGGACAAAACGCCCATGTCCGA 526

Qy        150 nAlaPheAspAsp---------PheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLy 167
              :      ||||||         :::            |||      |||      :::||
Db        527 GCGGCTGGACGACACGGAGCCCTATTTCATCGGGATCTTTTGCTTCGAGGCAGGGATCAA 586

Qy        167 sMetValAlaLeuGly---IlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnAr 186
              |::::::|||||||||   :::|||   |||      ||||||   :::   ||||||
Db        587 AATCATCGCTCTGGGCTTTGTCTTCCACAAGGGCTCTTACCTGCGGAACGGCTGGAACGT 646

Qy        186 gLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSer---------LeuAspLe 203
               :::||||||   :::|||:::   |||:::|||      :::            |||||
Db        647 CATGGACTTCGTGGTCGTCCTCACAGGGATCCTTGCCACGGCTGGAACTGACTTCGACCT 706

Qy        203 uGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIl 223
              |:::                  :::|||   |||||||||||||||||||||:::   ::
```

```
Db         707 GCGA---------------ACACTGAGGGCTGTGCGTGTGCTGAGGCCCCTGAAGCTGGT 751

Qy         223 eAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLe 243
               ::::   :::||||||:::::::::::::::      ::::::      :::      ||
Db         752 GTCTGGGATTCCAAGTTTGCAGGTGGTGCTCAAGTCCATCATGAAGGCCATGGTTCCACT 811

Qy         243 uGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGl 263
               |      :::   ||||||   ||||||         :::|||   |||:::|||:::::
Db         812 CCTGCAGATTGGGCTGCTTCTCTTCTTTGCCATCCTCATGTTTGCCATCATTGGCCTGGA 871

Qy         263 nLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLe 283
               :   :::   |||               ||||||                     |||
Db         872 GTTCTACATGGGCAAGTTCCACAAGGCCTGTTTC---------------------CCCAA 910

Qy         283 uSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCy 303
                |||   |||   ||||||
Db         911 CAGCACAGATGCGGAGCCCGTG-------------------------------------- 932

Qy         303 sSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGl 323

Db         932 ------------------------------------------------------------ 932

Qy         323 uGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnTh 343
                      |||      ||||||      :::                        :::||
Db         933 -------GGTGACTTCCCCTGTGGCAAGGAGGCCCCAGCCCGGCTGTGCGAGGGCGACAC 985

Qy         343 rThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPh 363
               |   |||            :::|||:::                           |||
Db         986 TGAGTGC---------CGGGAGTACTGGCCA---------------------GGACCCAA 1015

Qy         363 eLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIl 383
                   |||      |||||||||||||||   :::|||   :::   :::||||||   ||
Db        1016 CTTTGGCATCACCAACTTTGACAATATCCTGTTTGCCATCTTGACGGTGTTCCAGTGCAT 1075

Qy         383 eThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp---AlaHisSerPheTy 402
               ||||:::|||||||||   ||||||:::|||         |||   |||   :::   ::
Db        1076 CACCATGGAGGGCTGGACTGACATCCTCTATAATACAAACGATGCGGCCGGCAACACCTG 1135

Qy         402 rAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuCy 422
               :|||::::::|||||||||   |||||||||:::|||||||||||||||:::||||||
Db        1136 GAACTGGCTCTACTTCATCCCTCTCATCATCATCGGCTCCTTCTTCATGCTCAACCTGGT 1195

Qy         422 sLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSer----------- 438
                |||   |||::::::   :::|||::::::   ::::::|||
Db        1196 GCTGGGCGTGCTCTCGGGGGAGTTTGCCAAGGAGCGAGAGAGGGTGGAGAACCGCCGCGC 1255

Qy         439 -------GlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAl 456
                      :::|||   |||:::|||::::::
Db        1256 CTTCCTGAAGCTGCGCCGGCAGCAGCAGATCGAG-------------------------- 1289

Qy         456 aSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLe 476
                                              ||||||      ||||||   :::|||
Db        1290 ------------------------------CGAGAGCTCAACGGGTACCTGGAGTGGATCTT 1321

Qy         476 uArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLe 496
                :::               ||||||:::
Db        1322 CAAGGCGGAGGAAGTCATGCTGGCCGAGGAGGAC-------------------------- 1355

Qy         496 uLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrAr 516
                                  |||:::   :::|||      |||               ||
Db        1356 -------------------AGGAATGCAGAGGAGAAGTCCCCTTTGGACGTGCTGAAGAG 1396

Qy         516 gSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHi 536
               |:::      :::   |||   :::   |||:::|||
Db        1397 AGCGGCCACCAAGAAGAGCAGAAATGACCTGATCCAC----------------------- 1433

Qy         536 sTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspAr 556
                                                       :::   |||   :::|||||
Db        1434 ----------------------------------------GCAGAGGAGGGAGAGGACCG 1453

Qy         556 gAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGl 576
               |   |||:::
Db        1454 GTTTGCAGAT-------------------------------------------------- 1463

Qy         576 yGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGl 596

Db        1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy         596 uProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrVa 616

Db        1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy         616 lGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAs 636

Db        1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy         636 pLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIl 656

Db        1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy         656 eProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCy 676

Db        1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy         676 sHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPr 696
                         |||   :::   ||||||   ::::::|||
Db        1464 -------CTCTGTGCTGTTGGATCCCCCTTCGCCCGCGCCAGC----------------- 1499

Qy         696 oAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVa 716
                                              :::|||:::   ||||||:::   :::
Db        1500 -------------------------CTCAAGAGCGGGAAGACAGAGAGCTCGTCATACTT 1534

Qy         716 lMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAs 736

Db        1535 C----------------------------------------------------------- 1535

Qy         736 pLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSe 756
                                  ||||||:::::::::
Db        1536 -------------------CGGAGGAAGGAGAAG-------------------------- 1550

Qy         756 rSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLy 776
                   :::      |||:::                     |||::::::|||   :::::
Db        1551 ----ATGTTCCGGTTTTTT---------------------ATCCGGCGCATGGTGAAGGCTCA 1588

Qy         776 sTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGl 796
               :   |||         ::::::      :::   :::|||||||||   :::   :::
Db        1589 GAGCTTCTACTGGGTGGTGCTGTGCGTGGTGGCCCTGAACACACTGTGTGTGGCCATGGT 1648

Qy         796 uTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheTh 816
                ::::::   ||||||      ||||||      |||      :::      ||||||
Db        1649 GCATTACAACCAGCCGCGGCGGCTTACCACGACCCTGTATTTGCAGAGTTTGTTTTCCT 1708

Qy         816 rSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIl 836
                   ||||||      ||||||   ||||||:::         ||||||      |||
Db        1709 GGGTCTCTTCCTCACAGAGATGTCCCTGAAGATGTATGGCCTGGGGCCCAGAAGCTACTT 1768

Qy         836 eLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleVa 856
                ::::::   :::|||   ||||||      ::::::|||   ||||||:::|||:::||
Db        1769 CCGGTCCTCCTTCAACTGCTTCGACTTTGGGGTCATCGTGGGGAGCGTCTTTGAAGTGGT 1828

Qy         856 lGlyGln---------------GlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLe 871
               |                              |||:::||||||||||||      |||||
Db        1829 CTGGGCGGCCATCAAGCCGGGAAGCTCCTTTGGGATCAGTGTGCTGCGGGCCCTCCGCCT 1888

Qy         871 uMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLe 891
               |:::|||:::   |||:::   ::::::      :::|||:::      :::|||   ||
Db        1889 GCTGAGGATCTTCAAAGTCACGAAGTACTGGAGCTCCCTGCGGAACCTGGTGGTGTCCCT 1948

Qy         891 uMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIl 911
               |:::   :::|||   ::::::   :::         ||||||   |||||||||   ::
Db        1949 GCTGAACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGCTCTTCTTGCTCTTCCTGTTCATTGTGGT 2008

Qy         911 ePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAs 931
               :|||::::::|||||||||   |||||||||   :::|||      :::   :::
Db        2009 CTTCGCCCTGCTGGGGATGCAGCTGTTTGGGGGACAGTTCAACTTCCAGGATGAGACTCC 2068
```

```
Qy         931 pThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGl 951
                |||               |||||||||:::          ||||||:::||||||||||
Db        2069 CACA------------ACCAACTTCGACACCTTCCCTGCCGCCATCCTCACTGTCTTCCA 2116

Qy         951 nIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMet-------------- 966
               ||||||||||   ||||||||||||   |||:::|||:::|||:::
Db        2117 GATCCTGACGGGAGAGGACTGGAATGCAGTGATGTATCACGGGATCGAATCGCAAGGCGG 2176

Qy         967 -AlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTy 986
                   |||         :::::::::   |||||||||   |||      |||||||||||
Db        2177 CGTCAGCAAAGGCATGTTCTCGTCCTTTTACTTCATTGTCCTGACACTGTTCGGAAACTA 2236

Qy         986 rValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAl 1006
               |   |||   |||:::   :::||||||   |||:::                  :::
Db        2237 CACTCTGCTGAATGTCTTTCTGGCCATCGCTGTGGACAACCTGGCCAACGCCCAAGAGCT 2296

Qy        1006 aThrLysSerGluSerGluProAsp----------------------------------- 1014
                ||||||   |||   |||   :::
Db        2297 GACCAAGGATGAAGAGGAGATGGAAGAAGCAGCCAATCAGAAGCTTGCTCTGCAAAAGGC 2356

Qy        1015 ----------------------------------Phe-PheSerProSerValAspGlyA 1023
                                                        |||||||||      |||
Db        2357 CAAAGAAGTGGCTGAAGTCAGCCCCATGTCTGCCGCGAACATCTCCATCGCCGCCAGGCA 2416

Qy        1023 spGlyAspArgLysLysArg-LeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAla--------- 1039
                       |||   :::||| |||   :::   |||   |||:::   |||
Db        2417 GCAGAACTCGGCCAAGGCGCGCTCGGTGTGGGAGCAGCGGGCCAGCCAGCTACGGCTGCA 2476

Qy        1040 ------------GluLeuArgLysSerLeuLeu------------------ProProLeu 1049
                           :::||||||   ::::::
Db        2477 GAACCTGCGGGCCAGCTGCGAGGCGCTGTACAGCGAGATGGACCCCGAGGAGCGGCTGCG 2536

Qy        1050 IleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGly 1069
               :::   |||   |||               |||      :::               |||
Db        2537 CTTCGCCACTACGCGCCACCTGCGGCCCGACATGAAGACGCACCTGGACCGGCCGCTGGT 2596

Qy        1070 GluAla-LeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAl 1089
                      ||||||            |||            |||   |||   |||   ||
Db        2597 GGTGGAGCTGGGCCGCGACGGCGCGCGGGGGCCCGTGGGAGGCAAAGCCCGACCTGAGGC 2656

Qy        1089 aAla---------------------------------HisHis------------GluMe 1094
               ||||                                 ||||||            :::
Db        2657 TGCGGAGGCCCCCGAGGGCGTCGACCCTCCGCGCAGGCACCACCGGCACCGCGACAAGGA 2716

Qy        1094 tLysCysPro-------------------------------------------------- 1097
                |||   |||
Db        2717 CAAGACCCCCGCGGCGGGGGACCAGGACCGAGCAGAGGCCCCGAAGGCGGAGAGCGGGGA 2776

Qy        1098 -ProSerAlaArgSerSer---------ProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTr 1114
                |||   ||||||               ||||||         |||      ::::::
Db        2777 GCCCGGTGCCCGGGAGGAGCGGCCGCGGCCGCACCGCAGCCACAGCAAGGAGGCCGCG-- 2834

Qy        1114 pThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSe 1134
                               :::|||:::      ||||||   |||
Db        2835 ----GGGCCCCCGGAGGCGCGGAGCGAGCGCGGCCGAGGCCCA---------------GG 2875

Qy        1134 rProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGl 1154
                |||   |||   ||||||            |||      :::|||:::   :::   ||
Db        2876 CCCCGAGGGCGGCCGGCGGCACCACCGGCGCGGCTCCCCGGAGGAGGCGGCCGAGCGGGA 2935

Qy        1154 u------------------------------GluSerSerGluGluAspArgAlaSerPr 1164
               |                              :::   |||:::|||         :::
Db        2936 GCCCCGACGCCACCGCGCGCACCGGCACCAGGATCCGAGCAAGGAGTGCGCCGGCGCCAA 2995

Qy        1164 oAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGlu---------ArgGluAlaLysSe 1181
                               ||||||||||||                  |||||||||:::||
Db        2996 GGGCGAGCGGCGCGCGCGGCACCGCGGCGGCCCCCGAGCGGGGCCCCGGGAGGCGGAGAG 3055

Qy        1181 rSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGly---LeuHisArgThrAlaSerGl 1200
               |                        :::   |||         ||||||
Db        3056 CGGG---------------------GAGGAGCCGGCGCGGCGGCACCGGGCCCGGCACAA 3094

Qy        1200 yArgSerSerAlaSerGlu------HisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyAr 1218
                         |||   |||         ::::::         |||   |||:::   ::
Db        3095 GGCGCAGCCTGCTCACGAGGCTGTGGAGAAGGAGACCACGGAGAAGGAGGCCACGGAGAA 3154

Qy        1218 gLeuAla------------------------ArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLe 1230
               :   |||                        :::   ||||||         |||:::
Db        3155 GGAGGCTGAGATAGTGGAAGCCGACAAGGAAAAGGAGCTCCGGAACCACCAGCCCCGGGA 3214

Qy        1230 uAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTr 1250
                         |||            |||   ::::::   |||
Db        3215 GCCACACTGTGACCTGGAGACCAGTGGGACTGTGACTGTGGGTCCC-------------- 3260

Qy        1250 pValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArg----------------------- 1262
                            ||||||:::   |||   ::::::
Db        3261 ----ATGCACACACTGCCCAGCACCTGTCTCCAGAAGGTGGAGGAACAGCCAGAGGATGC 3316

Qy        1263 -AspSerTrp-------------------------------------------------- 1265
                |||:::
Db        3317 AGACAATCAGCGGAACGTCACTCGCATGGGCAGTCAGCCCCCAGACCCGAACACTATTGT 3376

Qy        1265 ------------------------------------------------------------ 1265

Db        3377 ACATATCCCAGTGATGCTGACGGGCCCTCTTGGGGAAGCCACGGTCGTTCCCAGTGGTAA 3436

Qy        1265 ------------------------------------------------------------ 1265

Db        3437 CGTGGACCTGGAAAGCCAAGCAGAGGGGAAGAAGGAGGTGGAAGCGGATGACGTGATGAG 3496

Qy        1266 -------------------------------SerAlaTyrIlePheProProGlnSerAr 1275
                                              |||   :::         |||   :::
Db        3497 GAGCGGCCCCCGGCCTATCGTCCCATACAGCTCCATGTTCTGTTTAAGCCCCACCAACCT 3556

Qy        1275 gPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuVa 1295
                   |||      ||||||   |||:::|||   :::   |||:::   |||:::|||||
Db        3557 GCTCCGCCGCTTCTGCCACTACATCGTGACCATGAGGTACTTCGAGGTGGTCATTCTCGT 3616

Qy        1295 lIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSe 1315
               |:::|||   |||:::   |||   :::|||   |||   |||   :::         ||
Db        3617 GGTCATCGCCTTGAGCAGCATCGCCCTGGCTGCTGAGGACCCA---GTGCGCACAGACTC 3673

Qy        1315 rAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGl 1335
               |               |||         :::||||||||||||   ||||||      ||
Db        3674 GCCCAGGAACAACGCTCTGAAATACCTGGATTACATTTTCACTGGTGTCTTTACCTTTGA 3733

Qy        1335 uMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSe 1355
               ||||   :::|||::::::   ||||||                  ||||||   |||
Db        3734 GATGGTGATAAAGATGATCGACTTGGGACTGCTGCTTCACCCTGGAGCCTATTTCCGGGA 3793

Qy        1355 rSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSe 1375
                   ||||||:::||||||               |||   |||         ||||||::
Db        3794 CTTGTGGAACATTCTGGAC------------TTCATTGTGGTCAGTGGCGCCCTGGTGGC 3841

Qy        1375 rMetVal---SerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLe 1394
               :         |||   |||      |||   :::      ::::::   ||||||:::||
Db        3842 GTTTGCTTTCTCAGGATCCAAAGGGAAAGACATCAATACCATCAAGTCTCTGAGAGTCCT 3901

Qy        1394 uArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGl 1414
               ||||   ||||||||||||:::   |||   |||         ||||||   |||   ::
Db        3902 TCGTGTCCTGCGGCCCCTCAAGACCATCAAACGGCTGCCCAAGCTCAAGGCTGTGTTTGA 3961

Qy        1414 uThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePh 1434
               :   :::::::::|||||||||   :::   ||||||:::::::::         |||
Db        3962 CTGTGTGGTGAACTCCCTGAAGAATGTCCTCAACATCTTGATTGTCTACATGCTCTTCAT 4021

Qy        1434 eIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGl 1454
                   ||||||   ::::::   |||||||||||||||||||||||||||   |||
Db        4022 GTTCATATTTGCCGTCATTGCGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCTACTGCACAGA 4081

Qy        1454 yGlu------------------AspThrArgAsn------IleThrAsnLysSerAspCy 1466
                |||                  |||   |||         :::      :::   :::
Db        4082 TGAATCCAAGGAGCTGGAGAGGGACTGCAGGGGTCAGTATTTGGATTATGAGAAGGAGGA 4141

Qy        1466 sAlaGluAlaSerTyrArg---TrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGl 1485
                   ||||||      |||   |||   ::::::   :::::::::||||||:::
```

```
Db     4142 AGTGGAAGCTCAGCCCAGGCAGTGGAAGAAATACGACTTTCACTACGACAATGTGCTCTG 4201

Qy     1485 nAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAs 1505
             ||||||::::::||||||   :::::::::   :::||||||      ::::::
Db     4202 GGCTCTGCTGACGCTGTTCACAGTGTCCACGGGAGAAGGCTGGCCCATGGTGCTGAAACA 4261

Qy     1505 pGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLe 1525
                :::||||||         :::|||   |||         :::         :::
Db     4262 CTCCGTGGATGCCACCTATGAGGAGCAGGGTCCAAGCCCTGGGTACCGCATGGAGCTGTC 4321

Qy     1525 uLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGl 1545
             ::::::::::::   :::   ::::::      ||||||   :::|||:::||||||
Db     4322 CATCTTCTACGTGGTCTACTTTGTGGTCTTTCCCTTCTTCTTCGTCAACATCTTTGTGGC 4381

Qy     1545 yValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgAr 1565
             :::::::::      |||                  ||||||:::   :::
Db     4382 TTTGATCATCATCACCTTC------------------CAGGAGCAGGGGGACAAGGTGAT 4423

Qy     1565 gArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMe 1585
                |||                  |||||||||      |||:::
Db     4424 GTCTGAA------------TGCAGCCTGGAGAAGAACGAGAGGGCTTGCATTGACTTCGC 4471

Qy     1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArg------PheArgLeuLe 1603
                   |||:::            |||         :::|||      |||:::
Db     4472 CATCAGCGCCAAACCCCTGACACGGTACATGCCCCAAAACCGGCAGTCGTTCCAGTATAA 4531

Qy     1603 uValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLe 1623
                               |||         :::   ||||||      :::|||   ||
Db     4532 GACGTGGACATTTGTGGTCTCCCCGCCCTTTGAATACTTCATCATGGCCATGATAGCCCT 4591

Qy     1623 uAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLe 1643
            ||||   |||   :::   |||:::   |||      |||         :::      ||
Db     4592 CAACACTGTGGTGCTGATGATGAAGTTCTATGATGCACCCTATGAGTACGAGCTGATGCT 4651

Qy     1643 uLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuVa 1663
            ||||      |||   :::||||||   :::|||      |||   |||   |||:::::
Db     4652 GAAATGCCTGAACATCGTGTTCACATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTGAAGATCAT 4711

Qy     1663 lAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleVa 1683
            :||||||            :::|||:::|||   ||||||      |||         ||
Db     4712 CGCCTTTGGGGTGCTGAACTATTTCAGAGATGCCTGGAATGTCTTTGACTTTGTCACTGT 4771

Qy     1683 lLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu---------------ValAs 1698
            ||||   ||||||      |||   :::   ||||||                  :::||
Db     4772 GTTGGGAAGTATTACTGATATTTAGTAACAGAGATTGCGGAAACGAACAATTTCATCAA 4831

Qy     1698 nLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaAr 1718
            |||||||                              :::|||:::   |||   |||||
Db     4832 CCTCAGC---------------------------TTCCTCCGCCTCTTTCGAGCTGCGCG 4864

Qy     1718 gValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGl 1738
            |::::::|||||||||:::            :::|||   ||||||   |||   :::||
Db     4865 GCTGATCAAGCTGCTCCGCCAGGGCTACACCATCCGCATCCTGCTGTGGACCTTTGTCCA 4924

Qy     1738 nAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAl 1758
            |:::         :::      :::   ||||||      :::||||||||||||:::||
Db     4925 GTCCTTCAAGGCCCTGCCCTACGTGTGTCTGCTCATTGCCATGCTGTTCTTCATCTACGC 4984

Qy     1758 aAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGl 1778
            |   :::|||:::::::::||||||::::::      |||:::
Db     4985 CATCATCGGCATGCAGGTGTTTGGGAATATTGCCCTGGATGATGAC---------ACCAG 5035

Qy     1778 yLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVa 1798
             :::   ||||||      ||||||   |||      |||   :::   |||||||||
Db     5036 CATCAACCGCCACAACAACTTCCGGACGTTTTTGCAAGCCCTGATGCTGCTGTTCAGGAG 5095

Qy     1798 lSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAsp------ProSerArgAspCysAs 1816
             :::||||||:::   |||:::   ||||||               ::::::   |||||
Db     5096 CGCCACGGGGGAGGCCTGGCACGAGATCATGCTGTCCTGCCTGAGCAACCAGGCCTGTGA 5155

Qy     1816 pGlnGlu------SerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPh 1834
            |::::::      :::|||         :::      :::      ||||||||||||||
Db     5156 TGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACTTTGCCTACTTCTACTTCGTCTCCTT 5215

Qy     1834 eValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMet-------- 1851
            |:::            |||:::::::::|||:::   :::||||||:::|||
Db     5216 CATCTTCCTGTGCTCCTTTCTGATGTTGAACCTCTTTGTGGCTGTGATCATGGACAATTT 5275

Qy     1852 -------------------------------------LysHisLeuGluGlu-SerAsnL 1859
                                                    ||||||:::||| |||:::
Db     5276 TGAGTACCTCACGCGGGACTCTTCCATCCTAGGTCCTCACCACTTGGATGAGTTCATCCG 5335

Qy     1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeu- 1878
                                   |||               :::   |||      |||
Db     5336 GGTCTGGGCTGAATACGACCCGGCTGCGTGTGGGCGCATCAGTTACAATGACATGTTTGA 5395

Qy     1879 SerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyVal 1898
                  :::   |||   |||                        |||   |||
Db     5396 GATGCTGAAACACATGTCCCCGCCTCTGGG------------GCTGGGGAAGAAATGCCC 5443

Qy     1899 AsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAla 1918
               |||:::            ||||||:::   |||      ||||||:::
Db     5444 TGCTCGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCG---CATGAACATGCCCATCTCCAACGAGGA 5500

Qy     1919 SerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValPro 1938
                     ||||||                  |||||||||:::
Db     5501 CATGACTGTTCACTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCACTGGAGATCAA 5560

Qy     1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
               ||||||                              |||            :::
Db     5561 GCTGGCCCCAGCTGG------------GACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAG 5608

Qy     1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGly--------- 1975
                     :::   |||      |||   :::|||            |||
Db     5609 GAAGGAGATTTCCGTTGT---GTGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTGGT 5665

Qy     1976 ------------------------HisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGly 1987
                                          |||   ||||||      :::
Db     5666 ACCACCCCATAAGCCTGATGAGATGACAGTGGGGAAGGTTTATGCAGCTCTGATGATATT 5725

Qy     1988 SerIleLeuSerVal---------HisSerGlnPro------------------------ 1996
               :::|||               |||   :::|||
Db     5726 TGACTTCTACAAGCAGAACAAAACCACCAGAGACCAGATGCAGCAGGCTCCTGGAGGCCT 5785

Qy     1997 ---AlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnPro 2015
                  |||   ||||||:::         |||   :::   |||
Db     5786 CTCCCAGATGGGTCCTGTGTCCCTGTTCCACCCTCTGAAGGCCAC--------------- 5830

Qy     2016 HisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuPro--------------------- 2028
               ||||||   |||   |||      |||:::   |||
Db     5831 CCTGGAGCAGACACAGCCGGCTGTGCTCCGAGGAGCCCGGGTTTTCCTTCGACAGAAGAG 5890

Qy     2028 ------------------------------------------------------------ 2028

Db     5891 TTCCACCTCCCTCAGCAATGGCGGGGCCATACAAAACCAAGAGAGTGGCATCAAAGAGTC 5950

Qy     2029 ---------------------------------------------------ProProGly 2031
                                                                  ||||||
Db     5951 TGTCTCCTGGGGCACTCAAAGGACCCAGGATGCACCCCATGAGGCCAGGCCACCCCTGGA 6010

Qy     2032 ArgSerProLeu-AlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAsp----- 2049
                  ||||||    :::   |||:::   |||      |||:::      |||
Db     6011 GCGTGGCCACTCCACAGAGATCCCTGTGGGGCGGTCAGGAGCACTGGCTGTGGACGTTCA 6070

Qy     2050 ----------------------------------------------SerLeuAspValGl 2054
                                                             |||:::   ||
Db     6071 GATGCAGAGCATAACCCGGAGGGGCCCTGATGGGGAGCCCCAGCCTGGGCTGGAGAGCCA 6130

Qy     2054 nGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyPro---------SerCy 2071
            ||||      :::            |||:::      :::   |||         :::
Db     6131 GGGTCGAGCGGCCTCCATGCCCCGCCTTGCGGCCGAGACTCAGCCCGTCACAGATGCCAG 6190

Qy     2071 sProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSe 2091
             |||:::   ||||||   |||                        :::   ||||||
Db     6191 CCCCATGAAGCGCTCCATCTCC---------------------ACGCTGGCCCAGCGGCC 6229
```

```
Qy    2091 rGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeu-- 2110
                     |||   :::      |||         |||   |||   ||||||:::
Db    6230 CCGTGG-GACTCATCTTTGCAGCACCACCCCGGACCGCCCACCCCCTAGCCAGGCGTCGT 6288

Qy    2111 ----GluProSerTrpAlaLysAspProProGlu-ThrArgSerSerLeuGluLeuAspT 2129
                  |||               ||||||:::    |||            |||:::
Db    6289 CGCACCACCACCACCACCGCTGCCACCGCCGCAGGGACAGGAAGCAGAGGTCCCTGGAGA 6348

Qy    2129 hrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeu------LeuProSerSerGlnGluGluProL 2147
                   |||   :::|||   |||:::         |||||||||         |||
Db    6349 AGGGGCCCAGC---CTGTCTGCCGATATGGATGGCGCACCAAGCAGTGCTGTGGGGCCGG 6405

Qy    2147 euPhePro---------------------------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerV 2158
                |||                           |||:::   ::::::
Db    6406 GGCTGCCCCCGGGAGAGGGGCCTACAGGCTGCCGGCGGGAACGAGAGCGCCGGCAGGAGC 6465

Qy    2158 alGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisS 2178
                            ||||||:::|||               |||::::::|||
Db    6466 GGGGCCGGTCCCAGGAGCGGAGGCAGCCCTCATCCTCCTCCTCGGAGAAGCAGCGCTTC- 6524

Qy    2178 erIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSer- 2197
                      ||||||         |||   :::            |||   ||||||
Db    6525 --------TACTCCTGCGACCGCTTTGGGGGCCGTGAGCCCCCGAAGCCCAAGCCCTCCC 6576

Qy    2197 ------------------------------------------------------------ 2197

Db    6577 TCAGCAGCCACCCAACGTCGCCAACAGCTGGCCAGGAGCCGGGACCCCACCCACAGGGCA 6636

Qy    2198 -----SerLeuGlyGlyGlnProLeu---------------------------------G 2205
                |||:::   |||   ||||||                                 |
Db    6637 GTGGTTCCGTGAATGGGAGCCCCTTGCTGTCAACATCTGGTGCTAGCACCCCCGGCCGCG 6696

Qy    2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerPro---ProSerIleSerIleAspP 2224
           |||||            |||:::      |||:::|||   |||||||||:::
Db    6697 GTGGGCGGAGGCAGCTCCCCCAGACGCCCCTGACTCCCCGCCCCAGCATCACCTACAAGA 6756

Qy    2224 roProGluSer------------------------GlnGlySerArgProProCysSerP 2236
                   |||                        |||   |||   |||      ||||
Db    6757 CGGCCAACTCCTCACCCATCCACTTCGCCGGGGCTCAGACCAGCCTCCCTGCCTTCTCCC 6816

Qy    2236 roGly---------------------------ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaS 2247
           |||||                                 |||   :::|||   |||   |
Db    6817 CAGGCCGGCTCAGCCGTGGGCTTTCCGAACACAACGCCCTGCTGCAGAGAGACCCCCTCA 6876

Qy    2247 erAsp------------------------SerLysAspProSerValSerSerProLeuA 2259
           ||                                 ||||||   :::         ||||
Db    6877 GCCAGCCCCTGGCCCCTGGCTCTCGAATTGGCTCTGACCCTTACCTGGGGCAGCGTCTGG 6936

Qy    2259 spSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeu------------- 2274
           |||||   |||:::      :::      :::|||||||||:::
Db    6937 ACAGTGAGGCCTCTGTCCACGCCCTGCCTGAGGACACGCTCACTTTCGAGGAGGCTGTGG 6996

Qy    2275 --------SerGlyLeuSerSer 2279
                   ||||||   ||||||
Db    6997 CCACCAACTCGGGCCGCTCCTCC 7019

RESULT 15
US-08-193-078B-7
; Sequence 7, Application US/08193078B
; Patent No. 5846757
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Harpold, Michael
;    APPLICANT:  Ellis, Steven
;    APPLICANT:  Williams, Mark
;    APPLICANT:  Feldman, Daniel
;    APPLICANT:  McCue, Ann
;    APPLICANT:  Brenner, Robert
;    TITLE OF INVENTION:  HUMAN CALCIUM CHANNEL COMPOSITIONS AND
;    TITLE OF INVENTION:  METHODS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  29
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  BROWN, MARTIN, HALLER & McCLAIN
;      STREET:  1660 UNION STREET
;      CITY:  SAN DIEGO
;      STATE:  CA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  92101
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.25
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/193,078B
;      FILING DATE:  07-FEB-1994
;      CLASSIFICATION:  435
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/868,354
;      FILING DATE:  10-APR-1992
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 07/745,206
;      FILING DATE:  15-AUG-1991
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Seidman, Stephanie L.
;      REGISTRATION NUMBER:  33,779
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  6362-53607
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  619-238-0999
;      TELEFAX:  619-238-0062
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  7:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  7362 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  double
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  144..7163
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  5'UTR
;      LOCATION:  1..143
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  3'UTR
;      LOCATION:  7161..7362
US-08-193-078B-7

Alignment Scores:
Pred. No.:              2.92e-96      Length:        7362
Score:                  1745.50       Matches:       662
Percent Similarity:     37.80%        Conservative:  356
Best Local Similarity:  24.58%        Mismatches:    879
Query Match:            14.51%        Indels:        798
DB:                     2             Gaps:          84

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-08-193-078B-7 (1-7362)

Qy      14 ProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGly 33
           ||||||         |||||||||:::         |||||||||   |||   ||||||
Db      66 CCGCTCTGAGCGCCTGCGCGCCCCGCGCCCTCCCTGCCGGGGCCG---CTGGGCCGGGGA 122

Qy      34 TrpThrArg-ArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerAr 53
              ||||||    |||         :::                        |||
Db     123 TGCACGCGGGGCCCGGGAGCCATGGTCCGCTTCGGGGACGAGCTGGGCGGCCGCTATGGA 182

Qy      53 gSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly---AlaGlySerThrGluLysAs 72
            :::               ||||||||||||||||||   ||||||         :::
Db     183 GGCCCCGGCGGCGGAGAGCGGGCCCGGGGCGGCGGGGCCGGCGGGGCGGGGGGCCCGGGT 242

Qy      72 pProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeu-------------------------- 83
            ||||||         |||   |||   |||
Db     243 CCCGGGGGGCTGC---AGCCCGGCCAGCGGGTCCTCTACAAGCAATCGATCGCGCAGCGC 299

Qy      84 -------ProTyrProAlaLeuAlaProVal----------------------------- 91
                  |||:::            |||:::
Db     300 GCGCGGACCATGGCGCTGTACAAC-CCCATCCCGGTCAAGCAGAACTGCTTCACCGTCAA 358
```

```
Qy       92 ----ValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrVa 110
                      |||      |||:::|||:::      |||   :::      |||
Db      359 CCGCTCGCTCTTCGTCTTCAGCGAGGACAACGTCGTCCGCAAATACGCGAAGCGCATCAC 418

Qy      110 lCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLe 130
                   |||   ||||||   :::   :::      |||:::   |||||||||:::   ||
Db      419 CGAGTGGCCTCCATTCGAGAATATGATCCTGGCCACCATCATCGCCAACTGCATCGTGCT 478

Qy      130 uGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGl 150
            |   :::            |||            |||      :::      :::   ::
Db      479 GGCCCTG------------GAGCAGCACCTCCCTGATGGGGACAAAACGCCCATGTCCGA 526

Qy      150 nAlaPheAspAsp---------PheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLy 167
            :      ||||||         :::            |||      |||      :::||
Db      527 GCGGCTGGACGACACGGAGCCCTATTTCATCGGGATCTTTTGCTTCGAGGCAGGGATCAA 586

Qy      167 sMetValAlaLeuGly---IlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnAr 186
            |::::::|||||||||   :::|||   |||      ||||||   :::   ||||||
Db      587 AATCATCGCTCTGGGCTTTGTCTTCCACAAGGGCTCTTACCTGCGGAACGGCTGGAACGT 646

Qy      186 gLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSer---------LeuAspLe 203
             :::||||||   :::|||:::   |||:::|||      :::            |||||
Db      647 CATGGACTTCGTGGTCGTCCTCACAGGGATCCTTGCCACGGCTGGAACTGACTTCGACCT 706

Qy      203 uGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIl 223
            |:::                  :::|||   |||||||||||||||||||||:::   ::
Db      707 GCGA---------------ACACTGAGGGCTGTGCGTGTGCTGAGGCCCCTGAAGCTGGT 751

Qy      223 eAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLe 243
            ::::   :::||||||:::::::::::::::      ::::::      :::      ||
Db      752 GTCTGGGATTCCAAGTTTGCAGGTGGTGCTCAAGTCCATCATGAAGGCCATGGTTCCACT 811

Qy      243 uGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGl 263
            |      :::   ||||||   ||||||         :::|||   |||:::|||:::::
Db      812 CCTGCAGATTGGGCTGCTTCTCTTCTTTGCCATCCTCATGTTTGCCATCATTGGCCTGGA 871

Qy      263 nLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLe 283
            :   :::   |||               ||||||                     |||
Db      872 GTTCTACATGGGCAAGTTCCACAAGGCCTGTTTC---------------------CCCAA 910

Qy      283 uSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCy 303
             |||   |||   ||||||
Db      911 CAGCACAGATGCGGAGCCCGTG-------------------------------------- 932

Qy      303 sSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGl 323

Db      932 ------------------------------------------------------------ 932

Qy      323 uGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnTh 343
                   |||      ||||||      :::                        :::||
Db      933 -------GGTGACTTCCCCTGTGGCAAGGAGGCCCCAGCCCGGCTGTGCGAGGGCGACAC 985

Qy      343 rThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPh 363
            |   |||            :::|||:::                           |||
Db      986 TGAGTGC---------CGGGAGTACTGGCCA---------------------GGACCCAA 1015

Qy      363 eLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIl 383
                |||      |||||||||||||||   :::|||   :::   :::||||||   ||
Db     1016 CTTTGGCATCACCAACTTTGACAATATCCTGTTTGCCATCTTGACGGTGTTCCAGTGCAT 1075

Qy      383 eThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp---AlaHisSerPheTy 402
            ||||:::|||||||||   ||||||:::|||         |||   |||   :::   ::
Db     1076 CACCATGGAGGGCTGGACTGACATCCTCTATAATACAAACGATGCGGCCGGCAACACCTG 1135

Qy      402 rAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuCy 422
            :|||::::::|||||||||   |||||||||:::|||||||||||||||:::||||||
Db     1136 GAACTGGCTCTACTTCATCCCTCTCATCATCATCGGCTCCTTCTTCATGCTCAACCTGGT 1195

Qy      422 sLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSer----------- 438
             |||   |||::::::   :::|||::::::   ::::::|||
Db     1196 GCTGGGCGTGCTCTCGGGGGAGTTTGCCAAGGAGCGAGAGAGGGTGGAGAACCGCCGCGC 1255

Qy      439 -------GlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAl 456
                   :::|||   |||:::|||::::::
Db     1256 CTTCCTGAAGCTGCGCCGGCAGCAGCAGATCGAG-------------------------- 1289

Qy      456 aSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLe 476
                                           ||||||      ||||||   :::|||
Db     1290 ----------------------------CGAGAGCTCAACGGGTACCTGGAGTGGATCTT 1321

Qy      476 uArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLe 496
             :::               ||||||:::
Db     1322 CAAGGCGGAGGAAGTCATGCTGGCCGAGGAGGAC-------------------------- 1355

Qy      496 uLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrAr 516
                               |||:::   :::|||      |||               ||
Db     1356 ------------------AGGAATGCAGAGGAGAAGTCCCCTTTGGACGTGCTGAAGAG 1396

Qy      516 gSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHi 536
            |:::      :::   |||   :::   |||:::|||
Db     1397 AGCGGCCACCAAGAAGAGCAGAAATGACCTGATCCAC----------------------- 1433

Qy      536 sTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspAr 556
                                                    :::   |||   :::|||||
Db     1434 ----------------------------------------GCAGAGGAGGGAGAGGACCG 1453

Qy      556 gAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGl 576
            |   |||:::
Db     1454 GTTTGCAGAT-------------------------------------------------- 1463

Qy      576 yGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGl 596

Db     1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy      596 uProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrVa 616

Db     1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy      616 lGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAs 636

Db     1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy      636 pLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIl 656

Db     1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy      656 eProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCy 676

Db     1463 ------------------------------------------------------------ 1463

Qy      676 sHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPr 696
                      |||   :::   ||||||   ::::::|||
Db     1464 -------CTCTGTGCTGTTGGATCCCCCTTCGCCCGCGCCAGC----------------- 1499

Qy      696 oAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVa 716
                                           :::|||:::   ||||||:::   :::
Db     1500 -------------------------CTCAAGAGCGGGAAGACAGAGAGCTCGTCATACTT 1534

Qy      716 lMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAs 736

Db     1535 C----------------------------------------------------------- 1535

Qy      736 pLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSe 756
                               ||||||:::::::::
Db     1536 -------------------CGGAGGAAGGAGAAG-------------------------- 1550

Qy      756 rSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLy 776
                :::      |||:::                     |||::::::|||   :::::
Db     1551 ----ATGTTCCGGTTTTTT------------------ATCCGGCGCATGGTGAAGGCTCA 1588

Qy      776 sTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGl 796
            :   |||         ::::::      :::   :::|||||||||   :::   :::
Db     1589 GAGCTTCTACTGGGTGGTGCTGTGCGTGGTGGCCCTGAACACACTGTGTGTGGCCATGGT 1648

Qy      796 uTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheTh 816
```

```
           ::::::   ||||||      ||||||      |||      :::      ||||||
Db   1649 GCATTACAACCAGCCGCGGCGGCTTACCACGACCCTGTATTTGCAGAGTTTGTTTTCCT 1708

Qy    816 rSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIl 836
              ||||||      ||||||   ||||||:::         ||||||      |||
Db   1709 GGGTCTCTTCCTCACAGAGATGTCCCTGAAGATGTATGGCCTGGGGCCCAGAAGCTACTT 1768

Qy    836 eLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleVa 856
           ::::::   :::|||   ||||||      ::::::|||   ||||||:::|||:::||
Db   1769 CCGGTCCTCCTTCAACTGCTTCGACTTTGGGGTCATCGTGGGGAGCGTCTTTGAAGTGGT 1828

Qy    856 lGlyGln---------------GlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLe 871
          |                              |||:::||||||||||||      |||||
Db   1829 CTGGGCGGCCATCAAGCCGGGAAGCTCCTTTGGGATCAGTGTGCTGCGGGCCCTCCGCCT 1888

Qy    871 uMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLe 891
          |:::|||:::   |||:::   ::::::      :::|||:::      :::|||   ||
Db   1889 GCTGAGGATCTTCAAAGTCACGAAGTACTGGAGCTCCCTGCGGAACCTGGTGGTGTCCCT 1948

Qy    891 uMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIl 911
          |:::   :::|||   ::::::   :::         ||||||   |||||||||   ::
Db   1949 GCTGAACTCCATGAAGTCCATCATCAGCCTGCTCTTCTTGCTCTTCCTGTTCATTGTGGT 2008

Qy    911 ePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAs 931
          :|||::::::|||||||||   |||||||||   :::|||      :::   :::
Db   2009 CTTCGCCCTGCTGGGGATGCAGCTGTTTGGGGGACAGTTCAACTTCCAGGATGAGACTCC 2068

Qy    931 pThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGl 951
           |||               |||||||||:::         ||||||:::|||||||||||
Db   2069 CACA------------ACCAACTTCGACACCTTCCCTGCCGCCATCCTCACTGTCTTCCA 2116

Qy    951 nIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMet-------------- 966
          ||||||||||   ||||||||||||   |||:::|||:::|||:::
Db   2117 GATCCTGACGGGAGAGGACTGGAATGCAGTGATGTATCACGGGATCGAATCGCAAGGCGG 2176

Qy    967 -AlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTy 986
              |||         :::::::::   |||||||||   |||      |||||||||||
Db   2177 CGTCAGCAAAGGCATGTTCTCGTCCTTTTACTTCATTGTCCTGACACTGTTCGGAAACTA 2236

Qy    986 rValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAl 1006
          |   |||   |||:::   :::||||||   |||:::                  :::
Db   2237 CACTCTGCTGAATGTCTTTCTGGCCATCGCTGTGGACAACCTGGCCAACGCCCAAGAGCT 2296

Qy   1006 aThrLysSerGluSerGluProAsp--------------------------------- 1014
           ||||||   |||   |||   :::
Db   2297 GACCAAGGATGAAGAGGAGATGGAAGAAGCAGCCAATCAGAAGCTTGCTCTGCAAAAGGC 2356

Qy   1015 ----------------------------------Phe-PheSerProSerValAspGlyA 1023
                                                   |||||||||      |||
Db   2357 CAAAGAAGTGGCTGAAGTCAGCCCCATGTCTGCCGCGAACATCTCCATCGCCGCCAGGCA 2416

Qy   1023 spGlyAspArgLysLysArg-LeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAla--------- 1039
                  |||   :::||| |||   :::   |||   |||:::   |||
Db   2417 GCAGAACTCGGCCAAGGCGCTCGGTGTGGAGCAGCGGGCCAGCCAGCTACGGCTGCA 2476

Qy   1040 ------------GluLeuArgLysSerLeuLeu------------------ProProLeu 1049
                      :::||||||   ::::::
Db   2477 GAACCTGCGGGCCAGCTGCGAGGCGCTGTACAGCGAGATGGACCCCGAGGAGCGGCTGCG 2536

Qy   1050 IleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGly 1069
          :::   |||   |||               |||      :::               |||
Db   2537 CTTCGCCACTACGCGCCACCTGCGGCCCGACATGAAGACGCACCTGGACCGGCCGCTGGT 2596

Qy   1070 GluAla-LeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAl 1089
                 ||||||            |||            |||   |||   |||   ||
Db   2597 GGTGGAGCTGGGCCGCGACGGCGCGGGGGCCCGTGGAGGCAAAGCCCGACCTGAGGC 2656

Qy   1089 aAla---------------------------------HisHis------------GluMe 1094
          ||||                                 ||||||            :::
Db   2657 TGCGGAGGCCCCCGAGGGCGTCGACCCTCCGCGCAGGCACCACCGGCACCGCGACAAGGA 2716

Qy   1094 tLysCysPro-------------------------------------------------- 1097
           |||   |||
Db   2717 CAAGACCCCGCGGCGGGGACCAGGACCGAGCAGAGGCCCCGAAGGCGGAGAGCGGGGA 2776

Qy   1098 -ProSerAlaArgSerSer---------ProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTr 1114
           |||   ||||||               ||||||         |||      ::::::
Db   2777 GCCCGGTGCCCGGGAGGAGCGGCCGCGGCCGCACCGCAGCCACAGCAAGGAGGCCGCG-- 2834

Qy   1114 pThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSe 1134
                          :::|||:::      ||||||   |||
Db   2835 ----GGGCCCCCGGAGGCGCGGAGCGAGCGCGGCCGAGGCCCA---------------GG 2875

Qy   1134 rProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGl 1154
           |||   |||   ||||||            |||      :::|||:::   :::   ||
Db   2876 CCCCGAGGGCGGCCGGCGGCACCACCGGCGCGGCTCCCCGGAGGAGGCGGCCGAGCGGGA 2935

Qy   1154 u-----------------------------GluSerSerGluGluAspArgAlaSerPr 1164
          |                              :::   |||:::|||         :::
Db   2936 GCCCCGACGCCACCGCGCACCGGCACCAGGATCCGAGCAAGGAGTGCGCCGGCGCCAA 2995

Qy   1164 oAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGlu---------ArgGluAlaLysSe 1181
                          ||||||||||||                  |||||||||:::||
Db   2996 GGGCGAGCGGCGCGCGCGGCACCGCGGCGGCCCCCGAGCGGGGCCCCGGGAGGCGGAGAG 3055

Qy   1181 rSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGly---LeuHisArgThrAlaSerGl 1200
          |                        :::   |||         ||||||
Db   3056 CGGG---------------------GAGGAGCCGGCGCGGCGGCACCGGGCCCGGCACAA 3094

Qy   1200 yArgSerSerAlaSerGlu------HisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyAr 1218
                    |||   |||         ::::::         |||   |||:::   ::
Db   3095 GGCGCAGCCTGCTCACGAGGCTGTGGAGAAGGAGACCACGGAGAAGGAGGCCACGGAGAA 3154

Qy   1218 gLeuAla-----------------------ArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLe 1230
          :   |||                        :::   ||||||         |||:::
Db   3155 GGAGGCTGAGATAGTGGAAGCCGACAAGGAAAAGGAGCTCCGGAACCACCAGCCCCGGGA 3214

Qy   1230 uAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTr 1250
                    |||            |||   ::::::   |||
Db   3215 GCCACACTGTGACCTGGAGACCAGTGGGACTGTGACTGTGGGTCCC-------------- 3260

Qy   1250 pValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArg----------------------- 1262
                       ||||||:::   |||   ::::::
Db   3261 ----ATGCACACACTGCCCAGCACCTGTCTCCAGAAGGTGGAGGAACAGCCAGAGGATGC 3316

Qy   1263 -AspSerTrp-------------------------------------------------- 1265
           |||:::
Db   3317 AGACAATCAGCGGAACGTCACTCGCATGGGCAGTCAGCCCCCAGACCCGAACACTATTGT 3376

Qy   1265 ------------------------------------------------------------ 1265

Db   3377 ACATATCCCAGTGATGCTGACGGGCCCTCTTGGGGAAGCCACGGTCGTTCCCAGTGGTAA 3436

Qy   1265 ------------------------------------------------------------ 1265

Db   3437 CGTGGACCTGGAAAGCCAAGCAGAGGGGAAGAAGGAGGTGGAAGCGGATGACGTGATGAG 3496

Qy   1266 -------------------------------SerAlaTyrIlePheProProGlnSerAr 1275
                                         |||   :::         |||   :::
Db   3497 GAGCGGCCCCCGGCCTATCGTCCCATACAGCTCCATGTTCTGTTTAAGCCCCACCAACCT 3556

Qy   1275 gPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuVa 1295
              |||      ||||||   |||:::|||   :::   |||:::   |||:::|||||
Db   3557 GCTCCGCCGCTTCTGCCACTACATCGTGACCATGAGGTACTTCGAGGTGGTCATTCTCGT 3616

Qy   1295 lIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSe 1315
          |:::|||   |||:::   |||   :::|||   |||   |||   :::         ||
Db   3617 GGTCATCGCCTTGAGCAGCATCGCCCTGGCTGCTGAGGACCCA---GTGCGCACAGACTC 3673

Qy   1315 rAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGl 1335
          |               |||         :::||||||||||||   ||||||      ||
Db   3674 GCCCAGGAACAACGCTCTGAAATACCTGGATTACATTTTCACTGGTGTCTTTACCTTTGA 3733

Qy   1335 uMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSe 1355
          ||||   :::|||::::::   ||||||                  ||||||   |||
Db   3734 GATGGTGATAAAGATGATCGACTTGGGACTGCTGCTTCACCCTGGAGCCTATTTCCGGGA 3793
```

```
Qy       1355 rSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSe 1375
                  ||||||:::||||||               |||   |||         ||||||::
Db       3794 CTTGTGGAACATTCTGGAC------------TTCATTGTGGTCAGTGGCGCCCTGGTGGC 3841

Qy       1375 rMetVal---SerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLe 1394
              :         |||   |||      |||   :::      ::::::   ||||||:::||
Db       3842 GTTTGCTTTCTCAGGATCCAAAGGGAAAGACATCAATACCATCAAGTCTCTGAGAGTCCT 3901

Qy       1394 uArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGl 1414
              ||||   ||||||||||||:::   |||   |||         ||||||   |||   ::
Db       3902 TCGTGTCCTGCGGCCCCTCAAGACCATCAAACGGCTGCCCAAGCTCAAGGCTGTGTTTGA 3961

Qy       1414 uThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePh 1434
              :   :::::::::|||||||||   :::   ||||||:::::::::         |||
Db       3962 CTGTGTGGTGAACTCCCTGAAGAATGTCCTCAACATCTTGATTGTCTACATGCTCTTCAT 4021

Qy       1434 eIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGl 1454
                  ||||||   ::::::   |||||||||||||||||||||||||||   |||
Db       4022 GTTCATATTTGCCGTCATTGCGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCTACTGCACAGA 4081

Qy       1454 yGlu------------------AspThrArgAsn------IleThrAsnLysSerAspCy 1466
               |||                  |||   |||         :::      :::   :::
Db       4082 TGAATCCAAGGAGCTGGAGAGGGACTGCAGGGGTCAGTATTTGGATTATGAGAAGGAGGA 4141

Qy       1466 sAlaGluAlaSerTyrArg---TrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGl 1485
                  ||||||      |||   |||   ::::::   :::::::::||||||:::
Db       4142 AGTGGAAGCTCAGCCCAGGCAGTGGAAGAAATACGACTTTCACTACGACAATGTGCTCTG 4201

Qy       1485 nAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAs 1505
               ||||||::::::||||||   :::::::::   :::||||||      ::::::
Db       4202 GGCTCTGCTGACGCTGTTCACAGTGTCCACGGGAGAAGGCTGGCCCATGGTGCTGAAACA 4261

Qy       1505 pGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLe 1525
                  :::||||||         :::|||   |||         :::         :::
Db       4262 CTCCGTGGATGCCACCTATGAGGAGCAGGGTCCAAGCCCTGGGTACCGCATGGAGCTGTC 4321

Qy       1525 uLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGl 1545
               ::::::::::::   :::   ::::::      ||||||   :::|||:::||||||
Db       4322 CATCTTCTACGTGGTCTACTTTGTGGTCTTTCCCTTCTTCTTCGTCAACATCTTTGTGGC 4381

Qy       1545 yValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgAr 1565
               :::::::::      |||                  ||||||:::   :::
Db       4382 TTTGATCATCATCACCTTC------------------CAGGAGCAGGGGGACAAGGTGAT 4423

Qy       1565 gArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMe 1585
                  |||                  |||||||||      |||:::
Db       4424 GTCTGAA------------TGCAGCCTGGAGAAGAACGAGAGGGCTTGCATTGACTTCGC 4471

Qy       1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArg------PheArgLeuLe 1603
                     |||:::            |||         :::|||      |||:::
Db       4472 CATCAGCGCCAAACCCCTGACACGGTACATGCCCCAAAACCGGCAGTCGTTCCAGTATAA 4531

Qy       1603 uValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLe 1623
                                 |||         :::   ||||||      :::|||   ||
Db       4532 GACGTGGACATTTGTGGTCTCCCCGCCCTTTGAATACTTCATCATGGCCATGATAGCCCT 4591

Qy       1623 uAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLe 1643
              ||||   |||   :::   |||:::   |||      |||         :::      ||
Db       4592 CAACACTGTGGTGCTGATGATGAAGTTCTATGATGCACCCTATGAGTACGAGCTGATGCT 4651

Qy       1643 uLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuVa 1663
              ||||      |||   :::||||||   :::|||      |||   |||   |||:::::
Db       4652 GAAATGCCTGAACATCGTGTTCACATCCATGTTCTCCATGGAATGCGTGCTGAAGATCAT 4711

Qy       1663 lAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleVa 1683
              :||||||            :::|||:::|||   ||||||      |||         ||
Db       4712 CGCCTTTGGGGTGCTGAACTATTTCAGAGATGCCTGGAATGTCTTTGACTTTGTCACTGT 4771

Qy       1683 lLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu---------------ValAs 1698
              ||||   ||||||      |||   :::   ||||||                  :::||
Db       4772 GTTGGGAAGTATTACTGATATTTAGTAACAGAGATTGCGGAAACGAACAATTTCATCAA 4831

Qy       1698 nLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaAr 1718
              |||||||                              :::|||:::   |||   |||||
Db       4832 CCTCAGC----------------------------TTCCTCCGCCTCTTTCGAGCTGCGCG 4864

Qy       1718 gValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGl 1738
              |::::::|||||||||:::            :::|||   ||||||   |||   :::||
Db       4865 GCTGATCAAGCTGCTCCGCCAGGGCTACACCATCCGCATCCTGCTGTGGACCTTTGTCCA 4924

Qy       1738 nAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAl 1758
              |:::         :::      :::   ||||||      :::||||||||||||:::||
Db       4925 GTCCTTCAAGGCCCTGCCCTACGTGTGTCTGCTCATTGCCATGCTGTTCTTCATCTACGC 4984

Qy       1758 aAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGl 1778
              |   :::|||:::::::::||||||::::::      |||:::
Db       4985 CATCATCGGCATGCAGGTGTTTGGGAATATTGCCCTGGATGATGAC---------ACCAG 5035

Qy       1778 yLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVa 1798
               :::   ||||||      ||||||   |||      |||   :::   |||||||||
Db       5036 CATCAACCGCCACAACAACTTCCGGACGTTTTTGCAAGCCCTGATGCTGCTGTTCAGGAG 5095

Qy       1798 lSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAsp------ProSerArgAspCysAs 1816
               :::||||||:::   |||:::   ||||||               ::::::   |||||
Db       5096 CGCCACGGGGGAGGCCTGGCACGAGATCATGCTGTCCTGCCTGAGCAACCAGGCCTGTGA 5155

Qy       1816 pGlnGlu------SerThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPh 1834
              |::::::      :::|||         :::      :::      ||||||||||||||
Db       5156 TGAGCAGGCCAATGCCACCGAGTGTGGAAGTGACTTTGCCTACTTCTACTTCGTCTCCTT 5215

Qy       1834 eValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMet-------- 1851
              |:::            |||:::::::::|||:::   :::||||||:::|||
Db       5216 CATCTTCCTGTGCTCCTTTCTGATGTTGAACCTCTTTGTGGCTGTGATCATGGACAATTT 5275

Qy       1852 -------------------------------------LysHisLeuGluGlu-SerAsnL 1859
                                                      ||||||:::||| |||:::
Db       5276 TGAGTACCTCACGCGGGACTCTTCCATCCTAGGTCCTCACCACTTGGATGAGTTCATCCG 5335

Qy       1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeu- 1878
                                     |||               :::   |||      |||
Db       5336 GGTCTGGGCTGAATACGACCCGGCTGCGTGTGGGCGCATCAGTTACAATGACATGTTTGA 5395

Qy       1879 SerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyVal 1898
                    :::   |||   |||                        |||   |||
Db       5396 GATGCTGAAACACATGTCCCCGCCTCTGGG------------GCTGGGGAAGAAATGCCC 5443

Qy       1899 AsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAla 1918
                 |||:::            ||||||:::   |||      ||||||:::
Db       5444 TGCTCGAGTTGCTTACAAGCGCCTGGTTCG---CATGAACATGCCCATCTCCAACGAGGA 5500

Qy       1919 SerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValPro 1938
                       ||||||                  |||||||||:::
Db       5501 CATGACTGTTCACTTCACGTCCACGCTGATGGCCCTCATCCGGACGGCACTGGAGATCAA 5560

Qy       1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
                 ||||||                              |||            :::
Db       5561 GCTGGCCCCAGCTGG------------GACAAAGCAGCATCAGTGTGACGCGGAGTTGAG 5608

Qy       1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGly--------- 1975
                       :::   |||      |||   :::|||            |||
Db       5609 GAAGGAGATTTCCGTTGT---GTGGGCCAATCTGCCCCAGAAGACTTTGGACTTGCTGGT 5665

Qy       1976 ----------------------HisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGly 1987
                                            |||   ||||||      :::
Db       5666 ACCACCCCATAAGCCTGATGAGATGACAGTGGGGAAGGTTTATGCAGCTCTGATGATATT 5725

Qy       1988 SerIleLeuSerVal---------HisSerGlnPro------------------------ 1996
                 :::|||               |||   :::|||
Db       5726 TGACTTCTACAAGCAGAACAAAACCACCAGAGACCAGATGCAGCAGGCTCCTGGAGGCCT 5785

Qy       1997 ---AlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnPro 2015
                    |||   ||||||:::         |||   :::   |||
Db       5786 CTCCCAGATGGGTCCTGTGTCCCTGTTCCACCCTCTGAAGGCCAC--------------- 5830

Qy       2016 HisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuPro--------------------- 2028
```

```
                 ||||||   |||   |||      |||:::   |||
Db       5831 CCTGGAGCAGACACAGCCGGCTGTGCTCCGAGGAGCCCGGGTTTTCCTTCGACAGAAGAG 5890

Qy       2028 ------------------------------------------------------------ 2028

Db       5891 TTCCACCTCCCTCAGCAATGGCGGGGCCATACAAAACCAAGAGAGTGGCATCAAAGAGTC 5950

Qy       2029 ---------------------------------------------------ProProGly 2031
                                                                    ||||||
Db       5951 TGTCTCCTGGGGCACTCAAAGGACCCAGGATGCACCCCATGAGGCCAGGCCACCCCTGGA 6010

Qy       2032 ArgSerProLeu-AlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAsp----- 2049
                    ||||||    :::   |||:::   |||      |||:::      |||
Db       6011 GCGTGGCCACTCCACAGAGATCCCTGTGGGGCGGTCAGGAGCACTGGCTGTGGACGTTCA 6070

Qy       2050 ----------------------------------------------SerLeuAspValGl 2054
                                                             |||:::   ||
Db       6071 GATGCAGAGCATAACCCGGAGGGGCCCTGATGGGGAGCCCCAGCCTGGGCTGGAGAGCCA 6130

Qy       2054 nGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyPro---------SerCy 2071
              ||||      :::            |||:::      :::   |||         :::
Db       6131 GGGTCGAGCGGCCTCCATGCCCCGCCTTGCGGCCGAGACTCAGCCCGTCACAGATGCCAG 6190

Qy       2071 sProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSe 2091
               |||:::   ||||||   |||                        :::   ||||||
Db       6191 CCCCATGAAGCGCTCCATCTCC---------------------ACGCTGGCCCAGCGGCC 6229

Qy       2091 rGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeu-- 2110
                        |||   :::      |||         |||   |||   ||||||:::
Db       6230 CCGTGG-GACTCATCTTTGCAGCACCACCCCGGACCGCCCACCCCCTAGCCAGGCGTCGT 6288

Qy       2111 ----GluProSerTrpAlaLysAspProProGlu-ThrArgSerSerLeuGluLeuAspT 2129
                     |||               ||||||:::    |||            |||:::
Db       6289 CGCACCACCACCACCACCGCTGCCACCGCCGCAGGGACAGGAAGCAGAGGTCCCTGGAGA 6348

Qy       2129 hrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeu------LeuProSerSerGlnGluGluProL 2147
                      |||   :::|||   |||:::         |||||||||         |||
Db       6349 AGGGGCCCAGC---CTGTCTGCCGATATGGATGGCGCACCAAGCAGTGCTGTGGGGCCGG 6405

Qy       2147 euPhePro---------------------------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerV 2158
                   |||                           |||:::   ::::::
Db       6406 GGCTGCCCCCGGGAGAGGGGCCTACAGGCTGCCGGCGGGAACGAGAGCGCCGGCAGGAGC 6465

Qy       2158 alGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisS 2178
                               ||||||:::|||               |||::::::|||
Db       6466 GGGGCCGGTCCCAGGAGCGGAGGCAGCCCTCATCCTCCTCCTCGGAGAAGCAGCGCTTC- 6524

Qy       2178 erIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSer- 2197
                         ||||||         |||   :::            |||   ||||||
Db       6525 --------TACTCCTGCGACCGCTTTGGGGGCCGTGAGCCCCCGAAGCCCAAGCCCTCCC 6576

Qy       2197 ------------------------------------------------------------ 2197

Db       6577 TCAGCAGCCACCCAACGTCGCCAACAGCTGGCCAGGAGCCGGGACCCCACCCACAGGGCA 6636

Qy       2198 -----SerLeuGlyGlyGlnProLeu---------------------------------G 2205
                   |||:::   |||   ||||||                                 |
Db       6637 GTGGTTCCGTGAATGGAGCCCCTTGCTGTCAACATCTGGTGCTAGCACCCCCGGCCGCG 6696

Qy       2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerPro---ProSerIleSerIleAspP 2224
              |||||            |||:::      |||:::|||   |||||||||:::
Db       6697 GTGGGCGGAGGCAGCTCCCCCAGACGCCCCTGACTCCCCGCCCCAGCATCACCTACAAGA 6756

Qy       2224 roProGluSer------------------------GlnGlySerArgProProCysSerP 2236
                      |||                        |||   |||   |||      ||||
Db       6757 CGGCCAACTCCTCACCCATCCACTTCGCCGGGGCTCAGACCAGCCTCCCTGCCTTCTCCC 6816

Qy       2236 roGly---------------------------ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaS 2247
              |||||                                 |||   :::|||   |||   |
Db       6817 CAGGCCGGCTCAGCCGTGGGCTTTCCGAACACAACGCCCTGCTGCAGAGAGACCCCCTCA 6876

Qy       2247 erAsp------------------------SerLysAspProSerValSerSerProLeuA 2259
              ||                                 ||||||   :::         ||||
```

```
Db       6877 GCCAGCCCCTGGCCCCTGGCTCTCGAATTGGCTCTGACCCTTACCTGGGGCAGCGTCTGG 6936

Qy       2259 spSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeu------------- 2274
              |||||   |||:::      :::      :::|||||||||:::
Db       6937 ACAGTGAGGCCTCTGTCCACGCCCTGCCTGAGGACACGCTCACTTTCGAGGAGGCTGTGG 6996

Qy       2275 --------SerGlyLeuSerSer 2279
                      ||||||   ||||||
Db       6997 CCACCAACTCGGGCCGCTCCTCC 7019

Search completed: April 28, 2005, 16:13:10
Job time : 1242 secs
```

THIS PAGE BLANK (USPTO)

```
                    GenCore version 5.1.6
           Copyright (c) 1993 - 2005  Compugen Ltd.

OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:         April 28, 2005, 13:23:23 ; Search time 1706 Seconds
                                           (without alignments)
                                           8160.926 Million cell updates/sec

Title:          US-09-611-257A-24
Perfect score:  12028
Sequence:       1 MLPHRVPRCVRTPPLRGSAR..........KKDTLSLSGLSSDPTDMDPZ 2287

Scoring table:  BLOSUM62
                Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:       5642217 seqs, 3043843248 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      11284434

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09611257/runat_26042005_150451_15015/app_query.fasta_1.2439
-DB=Published_Applications_NA -QFMT=fastap -SUFFIX=rnpb -MINMATCH=0.1
-LOOPCL=0 -LOOPEXT=0 -UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62
-TRANS=human40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100
-THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0
-MAXLEN=2000000000 -USER=US09611257_@CGN_1_1_923_@runat_26042005_150451_15015
-NCPU=6 -ICPU=3 -NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100
-LONGLOG -DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5
-FGAPOP=6 -FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :      Published_Applications_NA:*
                1:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_PUBCOMB.seq:*
                2:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCT_NEW_PUB.seq:*
                3:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_NEW_PUB.seq:*
                4:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US06_PUBCOMB.seq:*
                5:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US07_NEW_PUB.seq:*
                6:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/PCTUS_PUBCOMB.seq:*
                7:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_NEW_PUB.seq:*
                8:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US08_PUBCOMB.seq:*
                9:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09A_PUBCOMB.seq:*
                10:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09B_PUBCOMB.seq:*
                11:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09C_PUBCOMB.seq:*
                12:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US09_NEW_PUB.seq:*
                13:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10A_PUBCOMB.seq:*
                14:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10B_PUBCOMB.seq:*
                15:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10C_PUBCOMB.seq:*
                16:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10D_PUBCOMB.seq:*
                17:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10E_PUBCOMB.seq:*
                18:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10F_PUBCOMB.seq:*
                19:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US10_NEW_PUB.seq:*
                20:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US11_NEW_PUB.seq:*
                21:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_NEW_PUB.seq:*
                22:  /cgn2_6/ptodata/1/pubpna/US60_PUBCOMB.seq:*

     Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
     score greater than or equal to the score of the result being printed,
     and is derived by analysis of the total score distribution.

                              SUMMARIES
```

```
                      %
Result              Query
  No.     Score     Match Length DB  ID                           Description
  -------------------------------------------------------------------------------
     1    11980     99.6   6942  18  US-10-377-139-7               Sequence 7, Appli
     2    11829     98.3   7285  10  US-09-383-894-3               Sequence 3, Appli
     3    11673     97.0   7129  10  US-09-383-894-1               Sequence 1, Appli
     4  10845.5     90.2   7648  18  US-10-377-139-10              Sequence 10, Appl
     5  10845.5     90.2   7648  18  US-10-757-262-15              Sequence 15, Appl
     6    10707     89.0   8116  17  US-10-062-674-2011            Sequence 2011, Ap
     7     6103     50.7   3993  19  US-10-930-301-51              Sequence 51, Appl
     8   5432.5     45.2   6990  18  US-10-377-139-8               Sequence 8, Appli
     9     5420     45.1   6816  9  US-09-935-541-1               Sequence 1, Appli
    10     5420     45.1   6816  16  US-10-425-800-1               Sequence 1, Appli
    11     5420     45.1   6855  9  US-09-935-541-3               Sequence 3, Appli
    12     5420     45.1   6855  16  US-10-425-800-3               Sequence 3, Appli
    13     5407     45.0   6503  9  US-09-935-541-12              Sequence 12, Appl
    14     5407     45.0   6503  16  US-10-425-800-12              Sequence 12, Appl
    15     3950     32.8   5562  9  US-09-030-482B-18             Sequence 18, Appl
    16   3861.5     32.1   6073  18  US-10-377-139-11              Sequence 11, Appl
    17   1745.5     14.5   7362  17  US-10-375-253-11              Sequence 11, Appl
    18   1743.5     14.5   7376  13  US-10-033-026-3               Sequence 3, Appli
    19   1739.5     14.5   7364  9  US-09-954-456-1179            Sequence 1179, Ap
    20   1739.5     14.5   7364  13  US-10-033-026-5               Sequence 5, Appli
    21   1739.5     14.5   7364  18  US-10-736-883-31              Sequence 31, Appl
    22   1739.5     14.5   7364  19  US-10-843-641A-4206           Sequence 4206, Ap
    23   1732.5     14.4   6984  18  US-10-736-883-37              Sequence 37, Appl
    24     1727     14.4   7175  17  US-10-375-253-13              Sequence 13, Appl
    25   1726.5     14.4   7121  18  US-10-736-883-43              Sequence 43, Appl
    26     1725     14.3   7185  18  US-10-736-883-39              Sequence 39, Appl
    27     1721     14.3   7177  13  US-10-033-026-7               Sequence 7, Appli
    28     1721     14.3   7177  18  US-10-736-883-33              Sequence 33, Appl
    29   1720.5     14.3   6792  17  US-10-627-370-1               Sequence 1, Appli
    30     1720     14.3   9695  18  US-10-736-883-27              Sequence 27, Appl
    31     1720     14.3   9695  19  US-10-486-706-207             Sequence 207, App
    32   1717.5     14.3   6083  13  US-10-029-413A-21             Sequence 21, Appl
    33   1716.5     14.3   7713  18  US-10-736-883-41              Sequence 41, Appl
    34     1693     14.1   7011  13  US-10-033-026-9               Sequence 9, Appli
    35     1693     14.1   7011  18  US-10-736-883-29              Sequence 29, Appl
    36     1686     14.0   7348  18  US-10-322-696-175             Sequence 175, App
    37   1685.5     14.0   7291  18  US-10-322-696-83              Sequence 83, Appl
    38   1685.5     14.0   7477  18  US-10-322-696-177             Sequence 177, App
    39   1684.5     14.0   6572  18  US-10-467-491-1               Sequence 1, Appli
    40   1682.5     14.0   7363  18  US-10-723-860-5192            Sequence 5192, Ap
    41   1675.5     13.9   6503  18  US-10-377-139-16              Sequence 16, Appl
    42   1674.5     13.9   7089  17  US-10-375-253-39              Sequence 39, Appl
    43     1671     13.9   7032  17  US-10-375-253-37              Sequence 37, Appl
    44     1667     13.9   9704  18  US-10-322-696-80              Sequence 80, Appl
    45   1665.5     13.8   8490  15  US-10-101-510-617             Sequence 617, App


                              ALIGNMENTS

RESULT 1
US-10-377-139-7
; Sequence 7, Application US/10377139
; Publication No. US20040175761A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: MacKinnon, Roderick
;  APPLICANT:  Jiang, Youxing
;  APPLICANT:  Lee MacKinnon, Alice
;  APPLICANT:  Ruta, Vanessa
;  TITLE OF INVENTION: Voltage Sensor Domains of  Voltage-Dependent Ion Channel Proteins
;  TITLE OF INVENTION:  Uses Thereof
;  FILE REFERENCE: Seq. Nos. 1-21 for 1119-9
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/377,139
;  CURRENT FILING DATE:  2003-03-01
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 7
;   LENGTH: 6942
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus norvegicus
```

```
US-10-377-139-7

Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:        6942
Score:                    11980.00        Matches:       2283
Percent Similarity:       99.78%         Conservative:  0
Best Local Similarity:    99.78%         Mismatches:    3
Query Match:              99.60%         Indels:        2
DB:                       18             Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-377-139-7 (1-6942)

Qy          1 MetLeuProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArg 20
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         16 ATGCTCCCCCACCGGGTCCCCCGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTCGC 75

Qy         21 ProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGlu 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         76 CCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAG 135

Qy         41 ArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGly 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        136 CGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGGGG 195

Qy         61 ProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluA 80
              ||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        196 CCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGG 255

Qy         80 laGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspS 100
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        256 CGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACA 315

Qy        100 erArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerM 120
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        316 GCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAGTA 375

Qy        120 etLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleA 140
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        376 TGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACATTG 435

Qy        140 laCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPheP 160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        436 CCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTTCT 495

Qy        160 heAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrL 180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        496 TTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTACC 555

Qy        180 euGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrS 200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        556 TGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTATT 615

Qy        200 erLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProL 220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        616 CGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGC 675

Qy        220 euArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrL 240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        676 TCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACACCT 735

Qy        240 euProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleV 260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        736 TGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCATCG 795

Qy        260 alGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheS 280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        796 TGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGGTGCTTCCTCCCCGAGAACTTCA 855

Qy        280 erLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerP 300
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        856 GCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAGCC 915

Qy        300 roPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrL 320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        916 CCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCACAC 975

Qy        320 euArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        976 TGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAGTT 1035

Qy        340 erSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluH 360
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1036 CCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGAGC 1095

Qy        360 isAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIleP 380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1096 ACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCT 1155

Qy        380 heGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisS 400
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1156 TCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCACT 1215

Qy        400 erPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleA 420
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1216 CCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCA 1275

Qy        420 snLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnL 440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1276 ACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCAGC 1335

Qy        440 euMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerG 460
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1336 TGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTCTG 1395

Qy        460 luProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaA 480
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1396 AGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGCAG 1455

Qy        480 laArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerP 500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1456 CCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAGCC 1515

Qy        500 roValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgA 520
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1516 CAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCGTC 1575

Qy        520 rgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuG 540
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1576 GTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCTGG 1635

Qy        540 lyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnG 560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1636 GTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATG 1695

Qy        560 lySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProA 580
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1696 GGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCCGA 1755

Qy        580 rgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgC 600
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1756 GGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCGTT 1815

Qy        600 ysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyL 620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1816 GCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGGGA 1875

Qy        620 ysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuV 640
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1876 AGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACTAG 1935

Qy        640 alGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyP 660
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1936 TGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGGGC 1995

Qy        660 roPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerC 680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1996 CCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTCCT 2055

Qy         680 ysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysP 700
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2056 GCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTGTC 2115

Qy         700 roTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspS 720
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2116 CCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGACT 2175

Qy         720 erAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspP 740
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2176 CAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGATC 2235

Qy         740 roHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuA 760
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2236 CCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCTGG 2295

Qy         760 laPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyA 780
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2296 CTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGGCC 2355

Qy         780 rgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluG 800
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2356 GGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGAGC 2415

Qy         800 lnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheA 820
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2416 AGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTCG 2475

Qy         820 laLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProT 840
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2476 CCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCCCT 2535

Qy         840 yrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnG 860
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2536 ACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCAGG 2595

Qy         860 lyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgP 880
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2596 GAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCT 2655

Qy         880 heLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaT 900
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2656 TCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCA 2715

Qy         900 hrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuP 920
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2716 CCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCT 2775

Qy         920 heGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheA 940
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2776 TTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTTCG 2835

Qy         940 spSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnL 960
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2836 ACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAATA 2895

Qy         960 ysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaL 980
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2896 AAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGCCC 2955

Qy         980 euMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyP 1000
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2956 TCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGGAT 3015

Qy        1000 heGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerV 1020
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3016 TCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTG 3075

Qy        1020 alAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaG 1040
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3076 TGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGG 3135

Qy        1040 luLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerH 1060
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3136 AACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCAC 3195

Qy        1060 isProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrS 1080
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3196 ACCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCA 3255

Qy        1080 erSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerA 1100
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3256 GTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATGTCCGCCAAGTG 3315

Qy        1100 laArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerS 1120
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3316 CCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCA 3375

Qy        1120 erArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgA 1140
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3376 GCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGA 3435

Qy        1140 rgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluA 1160
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3436 GGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGG 3495

Qy        1160 spArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaL 1180
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3496 ACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCA 3555

Qy        1180 ysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerG 1200
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3556 AGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCG 3615

Qy        1200 lyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuA 1220
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3616 GCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGG 3675

Qy        1220 laArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyA 1240
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3676 CCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAA 3735

Qy        1240 snLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysA 1260
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3736 ATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCC 3795

Qy        1260 rgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuC 1280
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3796 GAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGT 3855

Qy        1280 ysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuA 1300
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3856 GTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCA 3915

Qy        1300 snCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIleP 1320
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3916 ACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCT 3975

Qy        1320 heLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysV 1340
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3976 TCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGG 4035

Qy        1340 alValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValL 1360
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4036 TGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGC 4095

Qy        1360 euAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspS 1380
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4096 TGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACA 4155

Qy        1380 erGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProL 1400
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4156 GCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCAC 4215
```

```
Qy   1400 euArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerL 1420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4216 TCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCC 4275

Qy   1420 euLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleL 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4276 TCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTC 4335

Qy   1440 euGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnI 1460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4336 TCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACA 4395

Qy   1460 leThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnP 1480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4396 TCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACT 4455

Qy   1480 heAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpV 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4456 TTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGG 4515

Qy   1500 alAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnH 1520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4516 TTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACC 4575

Qy   1520 isAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValL 1540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4576 ACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCC 4635

Qy   1540 euAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4636 TGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGG 4695

Qy   1560 luGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgS 1580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4696 AGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGA 4755

Qy   1580 erLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgP 1600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4756 GTAAGGAGAAGCAGATGGCCGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGAT 4815

Qy   1600 heArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyV 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4816 TCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTG 4875

Qy   1620 alIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuA 1640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4876 TCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGG 4935

Qy   1640 spGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValP 1660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4936 ACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTT 4995

Qy   1660 heLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspL 1680
          |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4996 TCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACC 5055

Qy   1680 euAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuS 1700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5056 TGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATCTGT 5115

Qy   1700 erLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValL 1720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5116 CGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTC 5175

Qy   1720 euLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaL 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5176 TGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGCACACGGTGATGCAGGCCC 5235

Qy   1740 euProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaL 1760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5236 TGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTC 5295

Qy   1760 euGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuG 1780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5296 TGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGG 5355

Qy   1780 lyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerT 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5356 GTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCA 5415

Qy   1800 hrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerT 1820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||
Db   5416 CTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCA 5475

Qy   1820 hrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnP 1840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5476 CCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGT 5535

Qy   1840 heValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysG 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5536 TTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAG 5595

Qy   1860 luAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerP 1880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5596 AGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCC 5655

Qy   1880 roGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnS 1900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5656 CGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACA 5715

Qy   1900 erThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerG 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5716 GTACTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGG 5775

Qy   1920 lyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuG 1940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5776 GCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAG 5835

Qy   1940 lyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnA 1960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5836 GACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATG 5895

Qy   1960 spSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5896 ACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGG 5955

Qy   1980 lyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrS 2000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5956 GGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCA 6015

Qy   2000 erCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProT 2020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6016 GCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCA 6075

Qy   2020 hrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProL 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6076 CCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTC 6135

Qy   2040 euArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgG 2060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6136 TCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGG 6195

Qy   2060 luAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheT 2080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6196 AAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCT 6255

Qy   2080 rpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysH 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6256 GGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGC 6315

Qy   2100 isIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProG 2120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6316 ACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAG 6375

Qy   2120 luThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuP 2140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6376 AGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTC 6435

Qy       2140 roSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluT 2160
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6436 CCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTTCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGA 6495

Qy       2160 hrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleA 2180
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6496 CCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTTCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTG 6555

Qy       2180 laValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuG 2200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6556 CTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCG 6615

Qy       2200 lyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerI 2220
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6616 GGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTA 6675

Qy       2220 leSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysL 2240
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6676 TCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCC 6735

Qy       2240 euArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspS 2260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6736 TCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACA 6795

Qy       2260 erThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerA 2280
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6796 GCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTG 6855

Qy       2280 spProThrAspMetAspPro 2286
              ||||||||||||||||||||
Db       6856 ACCCAACAGACATGGACCCC 6875

RESULT 2
US-09-383-894-3
; Sequence 3, Application US/09383894
; Publication No. US20030125269A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Li, Ming
;  TITLE OF INVENTION: T-Type Calcium Channel
;  FILE REFERENCE: 004.00191
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/383,894
;  CURRENT FILING DATE: 1999-08-26
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 60/098,004
;  EARLIER FILING DATE: 1998-08-26
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 60/117,399
;  EARLIER FILING DATE: 1999-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 7285
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-09-383-894-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:        7285
Score:                  11829.00        Matches:       2270
Percent Similarity:     97.72%         Conservative:  1
Best Local Similarity:  97.68%         Mismatches:    15
Query Match:            98.35%         Indels:        38
DB:                     10             Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-383-894-3 (1-7285)

Qy          1 MetLeuProHisArg-ValProArg-CysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaA 20
              ||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         57 ATGCTCCCCCACCGGGGTCCCCCGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCTCCGCTC 116

Qy         20 rgProSerSerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetG 40
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        117 GCCCCTCTTCGGACCCCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGG 176

Qy         40 luArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProG 60
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        177 AGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGCAGCTCAACGACCTGTCCGG 236

Qy         60 lyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGl 79
              ||||||||||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        237 GGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGA 296

Qy         79 uAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAs 99
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        297 GGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGA 356

Qy         99 pSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSe 119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        357 CAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCGTGGTTCGAGCGAGTCAG 416

Qy        119 rMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIl 139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        417 TATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGTTCAGGCCGTGTGAGGACAT 476

Qy        139 eAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPh 159
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        477 TGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCGATGACTTCATCTTTGCCTT 536

Qy        159 ePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTy 179
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        537 CTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAGAAATGTTA 596

Qy        179 rLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTy 199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        597 CCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCATTGCAGGGATGCTGGAGTA 656

Qy        199 rSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgPr 219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        657 TTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACC 716

Qy        219 oLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspTh 239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        717 GCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCGTCACATTACTGCTGGACAC 776

Qy        239 rLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIl 259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        777 CTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTTTTCATCTTTGGCAT 836

Qy        259 eValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPh 279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        837 CGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGATGCTTCCTCCCCGAGAACTT 896

Qy        279 eSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSe 299
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        897 CAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGACAGAGAATGAGGACGAGAG 956

Qy        299 rProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProTh 319
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        957 CCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGATCCTGCAGGAGTGTGCCCAC 1016

Qy        319 rLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSe 339
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1017 ACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGGACTATGAGACCTATAACAG 1076

Qy        339 rSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGl 359
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1077 TTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATACCAACTGCTCTGCGGGCGA 1136

Qy        359 uHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIl 379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1137 GCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCAT 1196

Qy        379 ePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHi 399
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1197 CTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTCGTAATGGACGCTCA 1256
```

```
Qy         399 sSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIl 419
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1257 CTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGAT 1316

Qy         419 eAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGl 439
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1317 CAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGACCAAACAGCGGGAGAGTCA 1376

Qy         439 nLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSe 459
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1377 GCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTAGCACCCTGGCAAGCTTCTC 1436

Qy         459 rGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAl 479
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1437 TGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGGTGTACATCCTCCGAAAAGC 1496

Qy         479 aAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSe 499
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1497 AGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGCGGGCTGGGCTGCTCAGCAG 1556

Qy         499 rProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisAr 519
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1557 CCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCAGCTGCACTCGCTCACACCG 1616

Qy         519 gArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLe 539
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1617 TCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACCACCATCACCACTACCACCT 1676

Qy         539 uGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAs 559
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1677 GGGTAATGGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGATCCAGGACAGGGATGCCAA 1736

Qy         559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPr 579
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1737 TGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCACTCCCTCTGGGGGCCCTCC 1796

Qy         579 oArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValAr 599
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1797 GAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACTGCCACTTGGAGCCAGTCCG 1856

Qy         599 gCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGl 619
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1857 TTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTGGTAGGACTGTGGGTAGTGG 1916

Qy         619 yLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLe 639
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1917 GAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGATACTGAAGGATAAAGCACT 1976

Qy         639 uValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGl 659
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1977 AGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCAGCTTCAACATCCCACCTGG 2036

Qy         659 yProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSe 679
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2037 GCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTACGGGAGCCTGCCATAGCTC 2096

Qy         679 rCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCy 699
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2097 CTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAGCCTGCGGGCCGGACAGTTG 2156

Qy         699 sProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAs 719
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2157 TCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCGCTGACCATGTCATGCCTGA 2216

Qy         719 pSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAs 739
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2217 CTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTCAGCACAGTGACCTCCGGGA 2276

Qy         739 pProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLe 759
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2277 TCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCTAGTTCTGTGCT 2336

Qy         759 uAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGl 779
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2337 GGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCGTAGATAGCAAATACTTTGG 2396

Qy         779 yArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGl 799
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2397 CCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCATGGGCATCGAGTACCACGA 2456

Qy         799 uGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPh 819
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2457 GCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTT 2516

Qy         819 eAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnPr 839
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2517 CGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCTTTGGCTACATTAAGAATCC 2576

Qy         839 oTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGl 859
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2577 CTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGTGGGAGATTGTGGGCCAGCA 2636

Qy         859 nGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValAr 879
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2637 GGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCG 2696

Qy         879 gPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAl 899
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2697 CTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGC 2756

Qy         899 aThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLe 919
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2757 CACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCT 2816

Qy         919 uPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPh 939
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2817 CTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAGAATTT 2876

Qy         939 eAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAs 959
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2877 CGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGACTGGAA 2936

Qy         959 nLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAl 979
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2937 TAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGGCTGCTCTTTACTTCATCGC 2996

Qy         979 aLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGl 999
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2997 CCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGGTGGCCATTCTTGTGGAAGG 3056

Qy         999 yPheGlnAlaGlu----------------------------------------------- 1003
               |||||||||||||
Db        3057 ATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTGGACAGTTAAGCTGTATTCA 3116

Qy        1004 ----------------------GlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePh 1016
                                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3117 GCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTT 3176

Qy        1016 eSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGl 1036
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3177 TTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCTTTGGG 3236

Qy        1036 yGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaTh 1056
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3237 AGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCATCATCCATACGGCTGCGAC 3296

Qy        1056 rProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySe 1076
               ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3297 ACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTC 3356

Qy        1076 rArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCy 1096
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3357 TCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTGCCCACCATGAGATGAAATC 3416

Qy        1096 sProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSe 1116
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3417 TCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTGCGGCAAGCAGCTGGACCAG 3476

Qy        1116 rArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSe 1136
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3477 CAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTAAAGCGGAGGAGCCCGAG 3536

Qy        1136 rGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSe 1156
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3537 CGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGAGTCAGGATGAGGAGGAAAG 3596

Qy        1156 rSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGl 1176
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3597 TTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGTTCCTTGGA 3656

Qy        1176 uArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisAr 1196
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3657 ACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGCAGGTGCCGGGGCTGCACCG 3716

Qy        1196 gThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSe 1216
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3717 CACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACTGTAATGGCAAGTCGGCTTC 3776

Qy        1216 rGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAs 1236
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3777 AGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAACTGGATGGGGATGATGACAA 3836

Qy        1236 nAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPr 1256
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3837 TGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCTGGGTCAGATCCCGGCTTCC 3896

Qy        1256 oAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPh 1276
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3897 TGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCTTTCCTCCTCAGTCAAGGTT 3956

Qy        1276 eArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIl 1296
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3957 TCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTGACCATGTGGTCCTCGTCAT 4016

Qy        1296 eIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAl 1316
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4017 CATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGC 4076

Qy        1316 aGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMe 1336
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4077 TGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGGCAGTCTTTCTAGCTGAAAT 4136

Qy        1336 tThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSe 1356
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4137 GACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGCAGGCCTACCTGCGCAGCAG 4196

Qy        1356 rTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMe 1376
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4197 CTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATCCTGGTCTCCAT 4256

Qy        1376 tValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgTh 1396
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4257 GGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGAC 4316

Qy        1396 rLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLe 1416
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4317 CCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCT 4376

Qy        1416 uMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIl 1436
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4377 GATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTTGCTGTGCCTTCTTCATCAT 4436

Qy        1436 ePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAs 1456
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4437 TTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGA 4496

Qy        1456 pThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHi 1476
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4497 CACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCAGCTACCGATGGGTCCGGCA 4556

Qy        1476 sLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLy 1496
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4557 CAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAA 4616

Qy        1496 sAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPr 1516
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4617 GGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTGTGGGTGTGGATCAGCAGCC 4676

Qy        1516 oIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAl 1536
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4677 CATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGC 4736

Qy        1536 aPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGl 1556
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4737 CTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGACA 4796

Qy        1556 nHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLy 1576
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4797 GCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGCGACTACGGAGGCTGGAGAA 4856

Qy        1576 sLysArgArg---------------------------------SerLysGluLysGlnMe 1585
               ||||||||||                                 |||
Db        4857 AAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGC 4916

Qy        1585 tAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHi 1605
                :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4917 GTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGAGATTCCGGCTCCTTGTCCA 4976

Qy        1605 sHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVa 1625
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4977 CCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAACGT 5036

Qy        1625 lValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIl 1645
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5037 GGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGAT 5096

Qy        1645 eCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPh 1665
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5097 CTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTT 5156

Qy        1665 eAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLe 1685
               |   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5157 TGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCT 5216

Qy        1685 uSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnPr 1705
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||
Db        5217 GTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATGCTTCGCTGCCCATCAACCC 5276

Qy        1705 oThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMe 1725
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5277 CACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTTCTGAAGCTGTTGAAGAT 5336

Qy        1725 tAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAs 1745
               |||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5337 GGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAA 5396

Qy        1745 nLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPh 1765
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5397 CCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTT 5456

Qy        1765 eGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPh 1785
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5457 TGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGTCGGCATGCCACCTT 5516

Qy        1785 eArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAs 1805
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5517 TAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAA 5576

Qy        1805 nGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVa 1825
               ||||||||||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5577 TGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACTGT 5636
```

```
Qy       1825 lIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnVa 1845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5637 CATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGT 5696

Qy       1845 lValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAl 1865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5697 GGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGC 5756

Qy       1865 aGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5757 CGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCC 5816

Qy       1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLy 1905
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db       5817 GCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCAACAGTCCTGACAGCCCTAA 5876

Qy       1905 sProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHi 1925
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5877 GCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCTCGGGCTTCTCCCTTGAGCA 5936

Qy       1925 sProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuTh 1945
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5937 CCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCCTAGGACCAGACCTGCTGAC 5996

Qy       1945 rValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysAr 1965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5997 TGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCG 6056

Qy       1965 gAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGl 1985
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6057 CAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCCCA 6116

Qy       1985 nSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLe 2005
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6117 GTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCT 6176

Qy       2005 uProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePr 2025
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6177 TCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCCCCACCTGGGGCGCCATCCC 6236

Qy       2025 oLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAl 2045
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6237 TAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGC 6296

Qy       2045 aIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGl 2065
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6297 AATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGA 6356

Qy       2065 uValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIl 2085
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6357 GGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCAT 6416

Qy       2085 eGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAl 2105
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6417 CCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGC 6476

Qy       2105 aProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLe 2125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6477 CCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTT 6536

Qy       2125 uGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGl 2145
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6537 AGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTTCCCAGCAGCCAGGAAGA 6596

Qy       2145 uProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgAr 2165
              |||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6597 ACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAGAGACCCAGAGCTGCAGGCG 6656

Qy       2165 gArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAs 2185
              ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6657 CAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCATTGCTGTCAGCTGTCTGGA 6716

Qy       2185 pSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGl 2205
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6717 CAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGCCAACCTCTTGG 6776

Qy       2205 yGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProPr 2225
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6777 GGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCC 6836

Qy       2225 oGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaPr 2245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6837 GGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCTGCCTCAGGAGGAGGGCGCC 6896

Qy       2245 oAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerPr 2265
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6897 GGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTGACAGCACGGCTGCCTCACC 6956

Qy       2265 oSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetAs 2285
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6957 CTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTTCTGACCCAACAGACATGGA 7016

Qy       2285 pPro 2286
              ||||
Db       7017 CCCC 7020

RESULT 3
US-09-383-894-1
; Sequence 1, Application US/09383894
; Publication No. US20030125269A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Li, Ming
;  TITLE OF INVENTION: T-Type Calcium Channel
;  FILE REFERENCE: 004.00191
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/383,894
;  CURRENT FILING DATE: 1999-08-26
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 60/098,004
;  EARLIER FILING DATE: 1998-08-26
;  EARLIER APPLICATION NUMBER: US 60/117,399
;  EARLIER FILING DATE: 1999-01-27
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 7129
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-09-383-894-1

Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:        7129
Score:                    11673.00        Matches:       2237
Percent Similarity:       97.77%         Conservative:  1
Best Local Similarity:    97.73%         Mismatches:    15
Query Match:              97.05%         Indels:        36
DB:                       10             Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-383-894-1 (1-7129)

Qy         34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGTAGCTTCACGC 61

Qy         54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
              |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||||||||||||
Db         62 AGCTCAACGACCTGTCCGGGGCCGGGGGCCGGCAGGGGCCGGGGTCGACGGAAAAGGACC 121

Qy         73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTAGCCCCGGTGGTTT 181

Qy         93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy        113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        242 CGTGGTTCGAGCGAGTCAGTATGCTGGTCATTCTTCTCAACTGTGTGACTCTGGGTATGT 301

Qy        133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        302 TCAGGCCGTGTGAGGACATTGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTCG 361

Qy        153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCTGTGGAAATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy        173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        422 TCTTTGGGAAGAAATGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATTGTCA 481

Qy        193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        482 TTGCAGGGATGCTGGAGTATTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCCGCAGTCAGGA 541

Qy        213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATTCTCG 601

Qy        233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        602 TCACATTACTGCTGGACACCTTGCCTATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGTTTCTTCG 661

Qy        253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        662 TCTTTTTCATCTTTGGCATCGTGGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGACTGCTTCGCAACCGAT 721

Qy        273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        722 GCTTCCTCCCCGAGAACTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCCTTATTACCAGA 781

Qy        293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        782 CAGAGAATGAGGACGAGAGCCCCTTCATCTGCTCTCAGCCTCGGGAGAATGGCATGAGAT 841

Qy        313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        842 CCTGCAGGAGTGTGCCCACACTGCGTGGGGAAGGCGGTGGTGGCCCACCCTGCAGTCTGG 901

Qy        333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        902 ACTATGAGACCTATAACAGTTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTATA 961

Qy        353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        962 CCAACTGCTCTGCGGGCGAGCACAACCCCTTCAAAGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy        373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACACTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy        393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1082 ACTTCGTAATGGACGCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTTCTCATCATCG 1141

Qy        413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCCGAGA 1201

Qy        433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1202 CCAAACAGCGGGAGAGTCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTACGATTCCTGTCCAATGCTA 1261

Qy        453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1262 GCACCCTGGCAAGCTTCTCTGAGCCAGGCAGCTGCTATGAGGAGCTACTCAAGTACCTGG 1321

Qy        473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1322 TGTACATCCTCCGAAAAGCAGCCCGAAGGCTGGCCCAGGTCTCTAGGGCTATAGGCGTGC 1381

Qy        493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1382 GGGCTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGTGGCCCGTAGTGGGCAGGAGCCCCAGCCCAGTGGCA 1441

Qy        513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1442 GCTGCACTCGCTCACACCGTCGTCTGTCTGTCCACCACCTGGTCCACCACCATCACCACC 1501

Qy        533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1502 ACCATCACCACTACCACCTGGGTAATGGACGCTCAGAGTTCCCCGGGCCAGCCCAGAGA 1561

Qy        553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCTCGCCGGCTCATGCTACCACCACCCTCTACACCCA 1621

Qy        573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1622 CTCCCTCTGGGGGCCCTCCGAGGGGTGCGGAGTCTGTACACAGCTTCTACCATGCTGACT 1681

Qy        593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1682 GCCACTTGGAGCCAGTCCGTTGCCAGGCACCCCCTCCCAGATGCCCATCGGAGGCATCTG 1741

Qy        613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1742 GTAGGACTGTGGGTAGTGGGAAGGTGTACCCCACTGTGCATACCAGCCCTCCACCAGAGA 1801

Qy        633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1802 TACTGAAGGATAAAGCACTAGTGGAGGTGGCCCCCAGCCCTGGGCCCCCCACCCTCACCA 1861

Qy        653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1862 GCTTCAACATCCCACCTGGGCCCTTCAGCTCCATGCACAAGCTCCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy        673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1922 CGGGAGCCTGCCATAGCTCCTGCAAAATCTCCAGCCCTTGCTCCAAGGCAGACAGTGGAG 1981

Qy        693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1982 CCTGCGGGCCGGACAGTTGTCCCTACTGTGCCCGGACAGGAGCAGGAGAGCCAGAGTCCG 2041

Qy        713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2042 CTGACCATGTCATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCTGTGTATGAGTTCACACAGGACGCTC 2101

Qy        733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2102 AGCACAGTGACCTCCGGGATCCCCACAGCCGGCGGCGACAGCGGAGCCTGGGCCCAGATG 2161

Qy        753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2162 CAGAGCCTAGTTCTGTGCTGGCTTTCTGGAGGCTGATCTGTGACACATTCCGGAAGATCG 2221

Qy        773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2222 TAGATAGCAAATACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAATACACTCAGCA 2281

Qy        793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2282 TGGGCATCGAGTACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTCACCAACGCCCTGGAAATCAGCAACA 2341

Qy        813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2342 TCGTCTTCACCAGCCTCTTCGCCTTGGAGATGCTGCTGAAACTGCTTGTCTACGGTCCCT 2401

Qy        833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       2402 TTGGCTACATTAAGAATCCCTACAACATCTTTGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGTGTGT 2461
```

```
Qy      853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2462 GGGAGATTGTGGGCCAGCAGGGAGGTGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2521

Qy      873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2522 GGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCCCTGCAGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGA 2581

Qy      893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2582 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTCCTCATGCTGTTCATCTTCATCTTCA 2641

Qy      913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2642 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGT 2701

Qy      933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2702 TGCCAGACCGGAAGAATTTCGACTCCCTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATTC 2761

Qy      953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2762 TGACTCAGGAAGACTGGAATAAAGTCCTCTACAACGGCATGGCCTCCACATCGTCTTGGG 2821

Qy      973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2822 CTGCTCTTTACTTCATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTATGTGCTCTTTAACCTGCTGG 2881

Qy      993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2882 TGGCCATTCTTGTGGAAGGATTCCAGGCAGAGGAAATCGGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2941

Qy     1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                     |||||||||||||||||||
Db     2942 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCAACTCTCAGGGGGAGATGCCACCAAGTCTG 3001

Qy     1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3002 AGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCGCCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGAAAGAAGCGCT 3061

Qy     1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3062 TGGCCCTGGTGGCTTTGGGAGAACACGCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCCCTCA 3121

Qy     1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
            |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db     3122 TCATCCATACGGCTGCGACACCAATGTCACTACCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGG 3181

Qy     1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3182 AAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGACGTACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAGCTG 3241

Qy     1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
            |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3242 CCCACCATGAGATGAAATCTCCGCCAAGTGCCCGCAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGTG 3301

Qy     1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3302 CGGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCAGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCC 3361

Qy     1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3362 TAAAGCGGAGGAGCCCGAGCGGGGAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGCCAGGAGA 3421

Qy     1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3422 GTCAGGATGAGGAGGAAAGTTCAGAAGAGGACCGGGCCAGCCCAGCAGGCAGTGACCATC 3481

Qy     1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3482 GCCACAGGGGTTCCTTGGAACGTGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCTGACACTCTGC 3541

Qy     1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3542 AGGTGCCGGGGCTGCACCGCACAGCCAGCGGCCGGAGCTCTGCCTCTGAGCACCAAGACT 3601

Qy     1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3602 GTAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGTTTGGCCCGCACCCTGAGGACTGATGACCCCCAAC 3661

Qy     1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3662 TGGATGGGGATGATGACAATGATGAGGGAAATCTGAGCAAAGGGGAACGCATACAAGCCT 3721

Qy     1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3722 GGGTCAGATCCCGGCTTCCTGCCTGTTGCCGAGAGCGAGATTCCTGGTCGGCCTATATCT 3781

Qy     1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3782 TTCCTCCTCAGTCAAGGTTTCGTCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTTG 3841

Qy     1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3842 ACCATGTGGTCCTCGTCATCATCTTCCTCAACTGTATCACCATCGCTATGGAGCGCCCCA 3901

Qy     1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3902 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAGCGCATCTTCCTGACCCTCTCCAACTACATCTTCACGG 3961

Qy     1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3962 CAGTCTTTCTAGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTTGGGGAGC 4021

Qy     1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4022 AGGCCTACCTGCGCAGCAGCTGGAATGTGCTGGACGGCTTGCTGGTGCTCATCTCCGTCA 4081

Qy     1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4082 TCGACATCCTGGTCTCCATGGTCTCCGACAGCGGCACCAAGATCCTTGGCATGCTGAGGG 4141

Qy     1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4142 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGGACTGA 4201

Qy     1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4202 AGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGTCATTT 4261

Qy     1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4262 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTCTCGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTCT 4321

Qy     1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4322 TCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAATCCGACTGCGCTGAGGCCA 4381

Qy     1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4382 GCTACCGATGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCC 4441

Qy     1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4442 TGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTTGACATCATGTATGATGGGCTGGATGCTG 4501

Qy     1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4502 TGGGTGTGGATCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTATACTTCATCT 4561

Qy     1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4562 CCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGTGGAGA 4621

Qy     1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4622 ACTTCCATAAGTGCAGACAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCGAGGCGGCGTGAGGAGAAGC 4681

Qy       1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       4682 GACTACGGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4741

Qy       1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
                |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4742 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAGCCCTACTACTCTGACTACTCGA 4801

Qy       1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4802 GATTCCGGCTCCTTGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTG 4861

Qy       1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4862 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACTATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCC 4921

Qy       1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4922 TGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAATTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTTGAGTCAG 4981

Qy       1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4982 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGCTTCCGCCGTTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5041

Qy       1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5042 ACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACACTGGAGGAGATTGAGGTCAATG 5101

Qy       1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5102 CTTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAG 5161

Qy       1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db       5162 TTCTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5221

Qy       1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5222 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTATTGTTTTTCATCTTTGCAG 5281

Qy       1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5282 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCT 5341

Qy       1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5342 TGGGTCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCT 5401

Qy       1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||.     |||||||||||||||||||
Db       5402 CCACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5461

Qy       1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5462 CCACCTGCTACAACACTGTCATCTCCCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5521

Qy       1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5522 AGTTTGTGCTGGTCAACGTGGTCATAGCTGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAAAGCAACA 5581

Qy       1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5582 AAGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTCGAGGCCGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACGCTCA 5641

Qy       1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5642 GCCCGCAGCCCCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCCGGGGTGGAGGGTGTCA 5701

Qy       1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
              |||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5702 ACAGTCCTGACAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACTGCCCACATTGGAGCAGCCT 5761

Qy       1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProL 1939
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5762 CGGGCTTCTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCCCACCCCGAGGAGGTGCCAGTCCCCC 5821

Qy       1939 euGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProA 1959
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5822 TAGGACCAGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACGCACTCTCTGCCCA 5881

Qy       1959 snAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyT 1979
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5882 ATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCTGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCT 5941

Qy       1979 rpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspT 1999
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5942 GGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCCGTTCACTCCCAACCAGCAGACA 6001

Qy       1999 hrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaP 2019
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6002 CCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGTGCACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCCC 6061

Qy       2019 roThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgP 2039
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6062 CCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGC 6121

Qy       2039 roLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerA 2059
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6122 CTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGATGTGCAGGGCCTGGGTAGCC 6181

Qy       2059 rgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerP 2079
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6182 GGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGGTCCTCATCCT 6241

Qy       2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6242 TCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAGCGTTCCGGCATCCAGAGCAAAGTCTCCA 6301

Qy       2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6302 AGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGCCTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTC 6361

Qy       2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6362 CAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCC 6421

Qy       2139 euProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValG 2159
              ||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6422 TTCCCAGCAGCCAGGAAGAACCCCTGTCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGTGTAG 6481

Qy       2159 luThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerI 2179
              |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db       6482 AGACCCAGAGCTGCAGGCGCAGGCCTGGGTCCTGGCTAGATGAACAGCGGAGACACTCCA 6541

Qy       2179 leAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerL 2199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6542 TTGCTGTCAGCTGTCTGGACAGCGGCTCCCAACCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCC 6601

Qy       2199 euGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProS 2219
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6602 TCGGGGGCCAACCTCTTGGGGGTCCTGGGAGCCGGCCTAAGAAAAAACTCAGCCCACCCA 6661

Qy       2219 erIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValC 2239
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6662 GTATCTCTATAGACCCCCCGGAGAGCCAGGGCTCTCGGCCCCCATGCAGTCCTGGTGTCT 6721

Qy       2239 ysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuA 2259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6722 GCCTCAGGAGGAGGGCGCCGGCCAGTGACTCTAAGGATCCCTCGGTCTCCAGCCCCCTTG 6781

Qy       2259 spSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerS 2279
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6782 ACAGCACGGCTGCCTCACCCTCCCCAAAGAAAGACACGCTGAGTCTCTCTGGTTTGTCTT 6841
```

```
Qy    2279 erAspProThrAspMetAspPro 2286
           |||||||||||||||||||||||
Db    6842 CTGACCCAACAGACATGGACCCC 6864

RESULT 4
US-10-377-139-10
; Sequence 10, Application US/10377139
; Publication No. US20040175761A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: MacKinnon, Roderick
;  APPLICANT:  Jiang, Youxing
;  APPLICANT:  Lee MacKinnon, Alice
;  APPLICANT:  Ruta, Vanessa
;  TITLE OF INVENTION: Voltage Sensor Domains of  Voltage-Dependent Ion Channel Proteins
;  TITLE OF INVENTION:  Uses Thereof
;  FILE REFERENCE: Seq. Nos. 1-21 for 1119-9
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/377,139
;  CURRENT FILING DATE:  2003-03-01
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 10
;   LENGTH: 7648
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-377-139-10

Alignment Scores:
Pred. No.:               0              Length:          7648
Score:                   10845.50        Matches:         2105
Percent Similarity:      89.72%         Conservative:    33
Best Local Similarity:   88.33%         Mismatches:      110
Query Match:             90.17%         Indels:          135
DB:                      18             Gaps:            7

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-377-139-10 (1-7648)

Qy      34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||    ||||||
Db       2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy      54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
              ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||.  ||||||||||
Db      62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy      73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy      93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy     113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
           ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy     133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy     153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy     173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy     193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy     213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy     233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy     253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy     273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db     722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy     293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy     313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
           |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db     842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy     333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
           ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy     353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy     373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy     393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy     413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy     433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy     453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy     473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db    1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy     493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
           ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db    1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy     513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
           |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy     533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db    1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy     553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy     573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy          593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy          613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy          633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                  ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db         1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy          653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
                ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy          673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
                |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy          693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db         1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy          713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
                |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy          733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
                |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy          753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy          773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278

Qy          793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy          813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy          833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy          853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2459 GGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy          873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy          893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy          913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy          933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy          953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy          973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy          993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
                ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy         1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                         |||||||||   |||||||
Db         2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy         1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
                |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db         2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy         1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
                |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy         1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
                |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db         3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy         1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
                |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy         1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
                ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy         1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy         1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy         1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
                |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db         3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy         1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy         1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db         3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy         1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db         3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy         1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
                ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db         3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy         1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
                ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db         3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy         1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835
```

```
Qy       1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy       1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy       1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy       1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy       1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy       1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy       1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy       1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy       1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy       1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy       1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy       1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy       1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy       1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy       1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
              |||||||||||||||||||||||||||||
Db       4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGCTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4735

Qy       1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
                |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4736 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 4795

Qy       1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4796 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 4855

Qy       1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4856 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 4915

Qy       1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db       4916 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 4975

Qy       1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4976 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5035

Qy       1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5036 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5095

Qy       1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5096 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5155

Qy       1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db       5156 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5215

Qy       1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5216 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5275

Qy       1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5276 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5335

Qy       1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5336 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5395

Qy       1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db       5396 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5455

Qy       1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5456 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5515

Qy       1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5516 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 5575

Qy       1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5576 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 5635

Qy       1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db       5636 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 5695

Qy       1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
              ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db       5696 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 5755

Qy       1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThr---------------------------------- 1927
              ||   |||||||||||||||||||||
Db       5756 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTGACACCATATCCCTGCTGA 5815

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       5816 TCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGCTGGCAGGCCCAGGGGGCC 5875

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       5876 AGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCGACCCACAGATCCCTCTAG 5935

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       5936 CTGAGATGGAGGCTCTGTCTCTGACGTCAGAGATTGTGTCTGAACCGTCCTGCTCTCTAG 5995

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927
```

```
Db        5996 CTCTGACGGATGACTCTTTGCCTGATGACATGCACACACTCTTACTTAGTGCCCTGGAGA 6055

Qy        1928 -----MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrV 1946
                    |||   |||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||
Db        6056 GCAATATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTG 6106

Qy        1946 alArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgA 1966
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db        6107 TGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGC 6166

Qy        1966 snGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnS 1986
               ::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6167 ATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGT 6226

Qy        1986 erGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuP 2006
               ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db        6227 CAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTC 6286

Qy        2006 roLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProL 2026
               ||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||
Db        6287 CCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCA 6346

Qy        2026 ysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaI 2046
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6347 AACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAA 6406

Qy        2046 leArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluV 2066
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db        6407 TAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGG 6466

Qy        2066 alSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleG 2086
               ||||||||||||||   ||||||   |||:::   |||||||||||    ||||||   |
Db        6467 TGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCC 6526

Qy        2086 lnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaP 2106
               ||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      |||||||
Db        6527 AGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCC 6586

Qy        2106 roCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuG 2126
               |||||||||||   ||||||:::|||  |||    |||||||||||||||||||||||||
Db        6587 CTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAG 6646

Qy        2126 luLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluG 2145
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      |||||||
Db        6647 AGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGG 6706

Qy        2145 luProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgA 2165
               |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|
Db        6707 AGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGC 6766

Qy        2165 rgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuA 2185
               ||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        6767 GCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGG 6826

Qy        2185 spSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuG 2205
               |||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||
Db        6827 ACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTG 6886

Qy        2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProP 2225
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        6887 GGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCC 6946

Qy        2225 roGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaP 2245
               ||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||
Db        6947 CCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTC 7006

Qy        2245 roAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerP 2265
               ||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||
Db        7007 CGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGC 7066

Qy        2265 roSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetA 2285
               |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::|
Db        7067 CCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGG 7126
```

```
Qy        2285 spPro 2286
               |||||
Db        7127 ACCCC 7131

RESULT 5
US-10-757-262-15
; Sequence 15, Application US/10757262
; Publication No. US20040197825A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Karicheti, Venkateswarlu
;  APPLICANT:  Silos-Santiago, Inmaculada
;  APPLICANT:  Eliasof, Scott D.
;  TITLE OF INVENTION: METHODS AND COMPOSITIONS FOR TREATING
;  TITLE OF INVENTION:  UROLOGICAL DISORDERS USING 44390, 54181, 211, 5687, 884,
;  TITLE OF INVENTION:  1405, 636, 4421, 5410, 30905, 2045, 16405, 18560, 2047,
;  TITLE OF INVENTION:  33751, 52872, 14063, 20739, 32544, 43239, 44373, 51164,
;  TITLE OF INVENTION:  53010, 16852, 1587, 2207, 22245, 2387, 52908, 69112, 14990,
;  TITLE OF INVENTION:  18547, 115, 579, 15985, 15625, 760, 18603, 2395, 2554, 8675,
;  TITLE OF INVENTION:  32720, 4809, 14303, 16816, 17827, 32620, 577, 619, 1423,
;  TITLE OF INVENTION:  2158, 8263, 15402, 16209, 16386, 21165, 30911, 41897, 1643,
;  TITLE OF INVENTION:  2543, 9626, 13231, 32409, 84260, 2882, 8203, 32678 OR
;  TITLE OF INVENTION:  55053
;  FILE REFERENCE: MPI03-007P1RNOMNIM
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/757,262
;  CURRENT FILING DATE:  2004-01-14
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/440,318
;  PRIOR FILING DATE: 2003-01-15
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/444,783
;  PRIOR FILING DATE: 2003-02-04
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/457,901
;  PRIOR FILING DATE: 2003-03-27
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/468,775
;  PRIOR FILING DATE: 2003-05-08
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/471,614
;  PRIOR FILING DATE: 2003-05-19
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/478,742
;  PRIOR FILING DATE: 2003-06-16
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/488,529
;  PRIOR FILING DATE: 2003-07-18
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/491,156
;  PRIOR FILING DATE: 2003-07-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/499,594
;  PRIOR FILING DATE: 2003-09-02
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/506,332
;  PRIOR FILING DATE: 2003-09-26
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 136
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 15
;   LENGTH: 7648
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)...(7134)
US-10-757-262-15

Alignment Scores:
Pred. No.:               0             Length:         7648
Score:                   10845.50       Matches:        2105
Percent Similarity:      89.72%        Conservative:   33
Best Local Similarity:   88.33%        Mismatches:     110
Query Match:             90.17%        Indels:         135
DB:                      18            Gaps:           7

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-757-262-15 (1-7648)

Qy          34 TrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAspSerProValAlaSerArg 53
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db           2 TGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCGCCGAGGAGTCGGACAGCCCCGGAGCTTCATGC 61

Qy          54 SerSerThrThrCysProGlyProGlyAla-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspP 73
                  ||||||||||||   |||||||||||| ||||||||| ||||||   ||||||||||
Db          62 GGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGGGCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACC 121

Qy          73 roGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValP 93
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         122 CGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGGGGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTT 181

Qy          93 hePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnP 113
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         182 TCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCCCGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACC 241

Qy         113 roTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetP 133
               ||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         242 CCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGGTCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGT 301

Qy         133 heArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheA 153
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         302 TCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTGACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTG 361

Qy         153 spAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyI 173
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         362 ATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCGTGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCA 421

Qy         173 lePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValI 193
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         422 TCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAGACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCA 481

Qy         193 leAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgT 213
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         482 TCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGGACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGA 541

Qy         213 hrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuV 233
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         542 CAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGGCCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTG 601

Qy         233 alThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheV 253
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         602 TCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCATGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCG 661

Qy         253 alPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgC 273
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         662 TCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCGTCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGAT 721

Qy         273 ysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnT 293
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||
Db         722 GCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCCCCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGA 781

Qy         293 hrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgS 313
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         782 CAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCATCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGT 841

Qy         313 erCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuA 333
               |||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||   ||||
Db         842 CCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCGGGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGG 901

Qy         333 spTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrT 353
               ||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         902 ACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCAACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACA 961

Qy         353 hrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleG 373
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         962 CCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACCCCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTG 1021

Qy         373 lyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetT 393
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1022 GCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGGTCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGT 1081

Qy         393 yrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleV 413
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1082 ACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCTACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCG 1141

Qy         413 alGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluT 433
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1142 TGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGTGCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGA 1201

Qy         433 hrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaS 453
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1202 CCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGCGGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCA 1261

Qy         453 erThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuV 473
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1262 GCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCGGCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGG 1321

Qy         473 alTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValA 493
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db        1322 TGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCAGGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGC 1381

Qy         493 rgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlyS 513
               ||   ||||||||||||||||||            |||||||||   |||||||||   |
Db        1382 GGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCACCCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCA 1441

Qy         513 erCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisH 533
               |||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1442 GCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTATCCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACC 1501

Qy         533 isHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluI 553
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||
Db        1502 ATCACCACCACTACCACCTGGGCAATGGGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGA 1561

Qy         553 leGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProT 573
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db        1562 TCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCCGCAGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTG 1621

Qy         573 hrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspC 593
                    ||||||   ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1622 CCCTCTCCGGGGCCCCCCCTGGTGGCGCAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACT 1681

Qy         593 ysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerG 613
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1682 GCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGGCGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCG 1741

Qy         613 lyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluI 633
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Db        1742 GCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGTATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGA 1801

Qy         633 leLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrS 653
                 ||||||:::|||||||||||||||||||||   |||   |||||||||||||||||||
Db        1802 CGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGGTGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCA 1861

Qy         653 erPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerT 673
               ||   ||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1862 GCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACAGCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTA 1921

Qy         673 hrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyA 693
               |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        1922 CAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGATCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAG 1981

Qy         693 laCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerA 713
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||   |
Db        1982 CCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACTGTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCG 2041

Qy         713 laAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaG 733
               |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2042 CCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACAGCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCC 2101

Qy         733 lnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspA 753
               |||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db        2102 AGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACAGC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATG 2158

Qy         753 laGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleV 773
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2159 CAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCTGGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTG 2218

Qy         773 alAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerM 793
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2219 TGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAATCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCA 2278
```

```
Qy       793 etGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnI 813
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2279 TGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCGAGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACA 2338

Qy       813 leValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProP 833
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2339 TCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGGAGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCT 2398

Qy       833 heGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValT 853
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2399 TTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACATCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGT 2458

Qy       853 rpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetA 873
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2459 GGGAGATCGTGGCCAGCAGGGGGGCGGCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGC 2518

Qy       873 rgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetL 893
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2519 GTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGCCGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGA 2578

Qy       893 ysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheS 913
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2579 AGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCA 2638

Qy       913 erIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrL 933
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 GCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCTGCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCC 2698

Qy       933 euProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleL 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2699 TGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCTTGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCC 2758

Qy       953 euThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpA 973
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2759 TGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCCTCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGG 2818

Qy       973 laAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuV 993
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2819 CGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGACCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGG 2878

Qy       993 alAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu---------------------------- 1003
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2879 TCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGAAATCAGCAAACGGGAAGATGCGAGTG 2938

Qy      1004 -----------------------------------------GlyAspAlaThrLysSerG 1010
                                                      |||||||||   |||||||
Db      2939 GACAGTTAAGCTGTATTCAGCTGCCTGTCGACTCCCAGGGGGAGATGCCAACAAGTCCG 2998

Qy      1010 luSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgL 1030
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||   |
Db      2999 AATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCT 3058

Qy      1030 euAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuI 1050
             |||||||||||:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3059 TGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGCGGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCA 3118

Qy      1050 leIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyG 1070
             |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||
Db      3119 TCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCAAGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCG 3178

Qy      1070 luAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaA 1090
             |||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3179 AGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCAGCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGG 3238

Qy      1090 laHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerA 1110
             ||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3239 CC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCAGCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCG 3295

Qy      1110 laAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerL 1130
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3296 CTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGAACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCC 3355

Qy      1130 euLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluS 1150
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3356 TGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCCTGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGA 3415

Qy      1150 erGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisA 1170
             |||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||
Db      3416 GCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGGCCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATC 3475

Qy      1170 rgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuG 1190
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3476 GCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTTCCTTTGACCTGCCAGACACACTGC 3535

Qy      1190 lnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspC 1210
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||
Db      3536 AGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAGGGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACT 3595

Qy      1210 ysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnL 1230
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||   |
Db      3596 GCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGGCCCTGCGGCCTGATGACCCCCCAC 3655

Qy      1230 euAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaT 1250
             ||||||||||||||   :::||||||||||||||||||||||||||||||::::::||||
Db      3656 TGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGAGCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGT 3715

Qy      1250 rpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIleP 1270
             ||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||
Db      3716 GGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGCGAGACTCCTGGTCAGCCTACATCT 3775

Qy      1270 heProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheA 1290
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3776 TCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACCGGATCATCACCCACAAGATGTTCG 3835

Qy      1290 spHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProL 1310
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3836 ACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCATCACCATCGCCATGGAGCGCCCCA 3895

Qy      1310 ysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrA 1330
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3896 AAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGACCCTCTCCAATTACATCTTCACCG 3955

Qy      1330 laValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluG 1350
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3956 CAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGGCACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGC 4015

Qy      1350 lnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValI 1370
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4016 AGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACGGGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCA 4075

Qy      1370 leAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgV 1390
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4076 TCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGG 4135

Qy      1390 alLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuL 1410
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4136 TGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGGTGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGA 4195

Qy      1410 ysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleC 1430
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4196 AGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAACCCATCGGCAACATTGTAGTCATCT 4255

Qy      1430 ysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPheP 1450
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4256 GCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTT 4315

Qy      1450 heValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaS 1470
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4316 TCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCA 4375

Qy      1470 erTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerL 1490
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4376 GTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCC 4435

Qy      1490 euPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaV 1510
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4436 TGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTG 4495

Qy     1510 alGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleS 1530
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4496 TGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCT 4555

Qy     1530 erPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluA 1550
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4556 CGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGA 4615

Qy     1550 snPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysA 1570
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4616 ACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGC 4675

Qy     1570 rgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------------------------- 1579
            |||||||||||||||||||||||||||||
Db     4676 GCCTACGAAGACTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGCTGGACGATGTAATTGCTTCCG 4735

Qy     1580 --SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerA 1599
              |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4736 GCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCC 4795

Qy     1599 rgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrG 1619
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4796 GCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAG 4855

Qy     1619 lyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleL 1639
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4856 GTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTC 4915

Qy     1639 euAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerV 1659
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db     4916 TGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAG 4975

Qy     1659 alPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuA 1679
            ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4976 TTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGG 5035

Qy     1679 spLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnL 1699
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5036 ACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACG 5095

Qy     1699 euSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgV 1719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5096 CCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAG 5155

Qy     1719 alLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnA 1739
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db     5156 TGCTGAAGCTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGG 5215

Qy     1739 laLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaA 1759
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5216 CCCTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAG 5275

Qy     1759 laLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyL 1779
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5276 CTCTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCC 5335

Qy     1779 euGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValS 1799
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5336 TGGGCCGTCATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCT 5395

Qy     1799 erThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluS 1819
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db     5396 CCACAGGTGACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGT 5455

Qy     1819 erThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5456 CCACCTGCTACAACACGGTCATCTCGCCTATCTACTTTGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCC 5515

Qy     1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnL 1859
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5516 AGTTCGTGCTAGTCAACGTGGTGATCGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAGGAGAGCAACA 5575

Qy     1859 ysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuS 1879
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5576 AGGAGGCCAAGGAGGAGGCCGAGCTAGAGGCTGAGCTGGAGCTGGAGATGAAGACCCTCA 5635

Qy     1879 erProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValA 1899
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :
Db     5636 GCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCCG 5695

Qy     1899 snSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaS 1919
            ::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||      :::||||
Db     5696 ACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGATCAGCCT 5755

Qy     1919 erGlyPheSerLeuGluHisProThr---------------------------------- 1927
            ||   |||||||||||||||||||||
Db     5756 CCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTGACACCATATCCCTGCTGA 5815

Qy     1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db     5816 TCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGCTGGCAGGCCCAGGGGGCC 5875

Qy     1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db     5876 AGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCGACCCACAGATCCCTCTAG 5935

Qy     1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db     5936 CTGAGATGGAGGCTCTGTCTCTGACGTCAGAGATTGTGTCTGAACCGTCCTGCTCTCTAG 5995

Qy     1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db     5996 CTCTGACGGATGACTCTTTGCCTGATGACATGCACACACTCTTACTTAGTGCCCTGGAGA 6055

Qy     1928 -----MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrV 1946
                 |||   |||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||||
Db     6056 GCAATATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGACTG 6106

Qy     1946 alArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgA 1966
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:
Db     6107 TGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCGGC 6166

Qy     1966 snGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnS 1986
            ::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6167 ATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCAGT 6226

Qy     1986 erGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuP 2006
            ||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db     6227 CAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCTTC 6286

Qy     2006 roLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProL 2026
            ||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||||
Db     6287 CCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCCCA 6346

Qy     2026 ysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaI 2046
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     6347 AACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGCAA 6406

Qy     2046 leArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluV 2066
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db     6407 TAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCGGGAAGACCTGCTGGCAGAGG 6466

Qy     2066 alSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleG 2086
            ||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||   |
Db     6467 TGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTACCC 6526

Qy     2086 lnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaP 2106
            ||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      |||||||
Db     6527 AGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAGCCC 6586

Qy     2106 roCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuG 2126
            |||||||||||   ||||||:::|||   |||   |||||||||||||||||||||||||
Db     6587 CTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCTTAG 6646
```

```
Qy       2126 luLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnGluG 2145
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      |||||||
Db       6647 AGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGGAGG 6706

Qy       2145 luProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgA 2165
              |||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:::|
Db       6707 AGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCCAGC 6766

Qy       2165 rgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuA 2185
              ||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6767 GCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCCTGG 6826

Qy       2185 spSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuG 2205
              |||||||||||||||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||||||
Db       6827 ACAGCGGCTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCTCTTG 6886

Qy       2205 lyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProP 2225
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db       6887 GGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATAGACCCCC 6946

Qy       2225 roGluSerGlnGlySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaP 2245
              ||||||||||||||   |||   |||   |||||||||:::|||||||||||||||||||
Db       6947 CCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGTATCTGCCTCCGGAGGAGGGCTC 7006

Qy       2245 roAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerP 2265
              ||:::||||||||||||||||||      |||   |||   ||||||   ||||||||||
Db       7007 CGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGCCCCCTGACAGCATGGCTGCCTCGC 7066

Qy       2265 roSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThrAspMetA 2285
              |||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   |||:::|
Db       7067 CCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGCAGACCTGG 7126

Qy       2285 spPro 2286
              |||||
Db       7127 ACCCC 7131

RESULT 6
US-10-062-674-2011
; Sequence 2011, Application US/10062674
; Publication No. US20040005559A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Loring, Jeanne F.; Kaser, Matthew R.
;  TITLE OF INVENTION: MARKERS OF NEURONAL DIFFERENTIATION AND MORPHOGENESIS
;  FILE REFERENCE: PA-0026-1 CIP
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/062,674
;  CURRENT FILING DATE:  2002-01-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/625,102
;  PRIOR FILING DATE: 2000-07-24
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 2217
;  SOFTWARE: PERL Program
; SEQ ID NO 2011
;   LENGTH: 8116
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: misc_feature
;   OTHER INFORMATION: Incyte ID No. US20040005559A1 404183.1
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: unsure
;   LOCATION: (1) ... (8116)
;   OTHER INFORMATION: a, t, c, g, or other
US-10-062-674-2011

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         8116
Score:                  10707.00         Matches:        2098
Percent Similarity:     89.92%          Conservative:   52
Best Local Similarity:  87.75%          Mismatches:     130
Query Match:            89.02%          Indels:         112
DB:                     17              Gaps:           6

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-062-674-2011 (1-8116)
```

```
Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         ||| . |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db        321 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 380

Qy         23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
               . |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        381 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 440

Qy         43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
              |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db        441 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 500

Qy         63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
              ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        501 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 560

Qy         82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        561 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 620

Qy        102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db        621 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 680

Qy        122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        681 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 740

Qy        142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        741 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 800

Qy        162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        801 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 860

Qy        182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        861 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 920

Qy        202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        921 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 980

Qy        222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        981 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1040

Qy        242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1041 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1100

Qy        262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1101 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1160

Qy        282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
              ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1161 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1220

Qy        302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1221 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1280

Qy        322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
              ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db       1281 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1340

Qy        342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1341 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1400

Qy        362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1401 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1460

Qy    382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1461 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1520

Qy    402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1521 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1580

Qy    422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1581 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1640

Qy    442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1641 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1700

Qy    462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1701 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1760

Qy    482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
          |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db   1761 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1820

Qy    502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                  |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db   1821 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1880

Qy    522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
          |||||||||||||||||                           ||||||||||||||||
Db   1881 CCGTCCACCACCTGGTGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTACCACCTGGGCAATG 1940

Qy    542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
          |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1941 GGACGCTCAGGGCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 2000

Qy    562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db   2001 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCG 2060

Qy    582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2061 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2120

Qy    602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
          ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2121 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2180

Qy    622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db   2181 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2240

Qy    642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
          |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db   2241 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2300

Qy    662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db   2301 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2360

Qy    682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
          ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2361 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2420

Qy    702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
          ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db   2421 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2480

Qy    722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||:::|||
Db   2481 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGAACTTCGGGAACCCCAAA 2540

Qy    742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
            |||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2541 AGCGGG--GGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2598

Qy    762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2599 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2658

Qy    782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2659 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2718

Qy    802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2719 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2778

Qy    822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||
Db   2779 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATTCCTACAACA 2838

Qy    842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2839 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2898

Qy    862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2899 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2958

Qy    882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2959 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 3018

Qy    902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3019 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3078

Qy    922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3079 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3138

Qy    942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3139 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3198

Qy    962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3199 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3258

Qy    982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3259 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3318

Qy   1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
          ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db   3319 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3378

Qy   1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
          ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db   3379 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3438

Qy   1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db   3439 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3498

Qy   1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
          |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db   3499 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3558

Qy   1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
          ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db   3559 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3615
```

```
Qy       1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3616 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3675

Qy       1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3676 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3735

Qy       1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db       3736 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3795

Qy       1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3796 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3855

Qy       1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3856 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3915

Qy       1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3916 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3975

Qy       1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuS 1242
                ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||||||||||
Db       3976 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTGA 4035

Qy       1242 erLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluA 1262
              ||||||||||||||::::::||||||:::|||:::||||||||||||||||||   ||||
Db       4036 GCAAAGGGGAACGGGTCCGCGCGTGGATCCGAGCCCGACTCCCTGCCTGCTGCCTCGAGC 4095

Qy       1262 rgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisA 1282
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4096 GAGACTCCTGGTCAGCCTACATCTTCCCTCCTCAGTCCAGGTTCCGCCTCCTGTGTCACC 4155

Qy       1282 rgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysI 1302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4156 GGATCATCACCCACAAGATGTTCGACCACGTGGTCCTTGTCATCATCTTCCTTAACTGCA 4215

Qy       1302 leThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuT 1322
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4216 TCACCATCGCCATGGAGCGCCCCAAAATTGACCCCCACAGCGCTGAACGCATCTTCCTGA 4275

Qy       1322 hrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValA 1342
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4276 CCCTCTCCAATTACATCTTCACCGCAGTCTTTCTGGCTGAAATGACAGTGAAGGTGGTGG 4335

Qy       1342 laLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspG 1362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4336 CACTGGGCTGGTGCTTCGGGGAGCAGGCGTACCTGCGGAGCAGTTGGAACGTGCTGGACG 4395

Qy       1362 lyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyT 1382
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4396 GGCTGTTGGTGCTCATCTCCGTCATCGACATTCTGGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCA 4455

Qy       1382 hrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgV 1402
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4456 CCAAGATCCTGGGCATGCTGAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTGCGCCCGCTCAGGG 4515

Qy       1402 alIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysP 1422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4516 TGATCAGCCGGGCGCAGGGGCTGAAGCTGGTGGTGGAGACGCTGATGTCCTCACTGAAAC 4575

Qy       1422 roIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyV 1442
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4576 CCATCGGCAACATTGTAGTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTCGGCATCTTGGGGG 4635

Qy       1442 alGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrA 1462
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4636 TGCAGCTCTTCAAAGGGAAGTTTTTCGTGTGCCAGGGCGAGGATACCAGGAACATCACCA 4695

Qy       1462 snLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspA 1482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4696 ATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACA 4755

Qy       1482 snLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspI 1502
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4756 ACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGATGGTTGGGTGGACA 4815

Qy       1502 leMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnP 1522
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4816 TCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACC 4875

Qy       1522 roTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnM 1542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4876 CCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTCTTTGTCCTGAACA 4935

Qy       1542 etPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluG 1562
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4936 TGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCACCAGGAGGAAGAGG 4995

Qy       1562 luAlaArgArgArgGlu-GluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLys 1581
              ||||||||||||||||| :::||||||||||||||||||   ||||||||||||:::   
Db       4996 AGGCCCGGCGGCGGGAGCCAGAAGCGCCTACGAAGACTGGCGAAAAAGAGACGGACGTAG 5055

Qy       1582 GluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArg 1601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5056 GAGAAGCAGATGGCTGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTACTCCCGCTTCCGG 5115

Qy       1602 LeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIle 1621
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5116 CTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACAGGTGTCATC 5175

Qy       1622 GlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGlu 1641
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5176 GGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAGATTCTGGATGAG 5235

Qy       1642 AlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLys 1661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||
Db       5236 GCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTTTTCAAA 5295

Qy       1662 LeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAla 1681
              ||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5296 CTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCC 5355

Qy       1682 IleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeu 1701
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db       5356 ATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTCAACGCCTCGCTG 5415

Qy       1702 ProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLys 1721
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5416 CCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAG 5475

Qy       1722 LeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuPro 1741
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||
Db       5476 CTGCTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCGCTGCTGGACACGGTGATGCAGGCCCTGCCC 5535

Qy       1742 GlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGly 1761
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5536 CAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGTTGTTGTTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGC 5595

Qy       1762 ValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArg 1781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5596 GTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGACGAGACACACCCCTGTGAGGGCCTGGGCCGT 5655

Qy       1782 HisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGly 1801
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5656 CATGCCACCTTTCGGAACTTTGGCATGGCCTTCCTAACCCTCTTCCGAGTCTCCACAGGT 5715

Qy       1802 AspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGlnGluSerThr 1820
              |||||||||||||||||||||||||||      |||||||||         |||   :::
Db       5716 GACAATTGGAATGGCATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGCACCCACGACGAGCGCAGC 5775

Qy       1821 CysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAla 1838
```

```
              |||   :::::::::      :::||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db       5776 TGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTGCTCACCGCG 5835

Qy       1839 GlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsn 1858
              ||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||::::::||||||
Db       5836 CAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGACGACAGCAAC 5895

Qy       1859 LysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeu 1878
              |||||||||:::|||:::||||||::::::||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5896 AAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATGAAGACCCTC 5955

Qy       1879 SerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyVal 1898
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5956 AGCCCCCAGCCCCACTCGCCACTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTCGAGGGCCCC 6015

Qy       1899 AsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIle-GlyAlaAl 1918
              :::|||   |||||||||||||||||||||   |||      ||||||    |||:::||
Db       6016 GACAGCCCCGACAGCCCCAAGCCTGGGGCTCTGCACCCAGCGGCCCACGCGAGGATCAGC 6075

Qy       1918 aSerGlyPheSerLeuGluHisProThr-------------------------------- 1927
              ||||   |||||||||||||||||||||
Db       6076 CTCCCACTTTTCCCTGGAGCACCCCACGGACAGGCAGCTGTTTGACACCATATCCCTGCT 6135

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       6136 GATCCAGGGCTCCCTGGAGTGGGAGCTGAAGCTGATGGACGAGCTGGCAGGCCCAGGGGG 6195

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       6196 CCAGCCCTCTGCCTTCCCTTCTGCCCCCAGCCTGGGAGGCTCCGACCCACAGATCCCTCT 6255

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       6256 AGCTGAGATGGAGGCTCTGTCTCTGACGTCAGAGATTGTGTCTGAACCGTCCTGCTCTCT 6315

Qy       1927 ------------------------------------------------------------ 1927

Db       6316 AGCTCTGACGGATGACTCTTTGCCTGATGACATGCACACACTCTTACTTAGTGCCCTGGA 6375

Qy       1928 -------MetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuTh 1945
                     |||   |||||||||   |||:::|||         |||||||||||||||||
Db       6376 GAGCAATATGCAGCCCCACCCCACGGAGCTGCCA---------GGACCAGACTTACTGAC 6426

Qy       1945 rValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysAr 1965
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6427 TGTGCGGAAGTCTGGGGTCAGCCGAACGCACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGTCG 6486

Qy       1965 gAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGl 1985
              |:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6487 GCATGGGAGCACTGCCGAGGGGCCCCTGGACACAGGGGCTGGGGGCTCCCCAAAGCTCA 6546

Qy       1985 nSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLe 2005
              ||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||.  |||||||||||
Db       6547 GTCAGGCTCCGTCTTGTCCGTTCACTCCCAGCCAGCAGATACCAGCTACATCCTGCAGCT 6606

Qy       2005 uProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePr 2025
              ||||||||||      :::|||||||||||||||   |||||||||||||||   |||||
Db       6607 TCCCAAAGATGCACCTCATCTGCTCCAGCCCCACAGCGCCCCAACCTGGGGCACCATCCC 6666

Qy       2025 oLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAl 2045
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       6667 CAAACTGCCCCCACCAGGACGCTCCCCTTTGGCTCAGAGGCCACTCAGGCGCCAGGCAGC 6726

Qy       2045 aIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySer-ArgGluAspLeuLeuSerG 2065
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||:::|
Db       6727 AATAAGGACTGACTCCTTGGACGTTCAGGGTCTGGGCAGCCCGGGAAGACCTGCTGGCAG 6786

Qy       2065 luValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerI 2085
              |||||||||||||||||   ||||||   |||:::   ||||||||||||   ||||||
Db       6787 AGGTGAGTGGGCCCTCCCCGCCCCTGGCCCGGGCCTACTCTTTCTGGGGCCAGTCAAGTA 6846

Qy       2085 leGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProA 2105
                |||   ||||||   |||         ||||||:::|||||||||:::      ||||
Db       6847 CCCAGGCACAGCAGCACTCCCGCAGCCACAGCAAGATCTCCAAGCACATGACCCCGCCAG 6906

Qy       2105 laProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerL 2125
              ||||||||||||||   ||||||:::|||   |||   ||||||||||||||||||||||
Db       6907 CCCCTTGCCCAGGCCCAGAACCCAACTGGGGCAAGGGCCCTCCAGAGACCAGAAGCAGCT 6966

Qy       2125 euGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeu---ProSerSerGlnG 2144
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||      ||||
Db       6967 TAGAGTTGGACACGGAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCCCTGGCGGCCAGG 7026

Qy       2144 luGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysA 2164
              ||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||:
Db       7027 AGGAGCCCCCATCCCCACGGGACCTGAAGAAGTGCTACAGCGTGGAGGCCCAGAGCTGCC 7086

Qy       2164 rgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysL 2184
              ::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7087 AGCGCCGGCCTACGTCCTGGCTGGATGAGCAGAGGAGACACTCTATCGCCGTCAGCTGCC 7146

Qy       2184 euAspSerGly-SerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnPro 2203
              ||||||||||| |||||||||   |||         ||||||:::|||||||||||||||
Db       7147 TGGACAGCGGCTTCCCAACCCCACCTGGGCACAGACCCCTCTAACCTTGGGGGCCAGCCT 7206

Qy       2204 LeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIle-As 2223
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||| ||
Db       7207 CTTGGGGGGCCTGGGAGCCGGCCCAAGAAAAAACTCAGCCCGCCTAGTATCACCATTAGA 7266

Qy       2223 pProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSerPro-GlyValCysLeuArgArgA 2243
              |||||||||||||||||||   |||   |||   ||||||.|||   |||||||||||||
Db       7267 CCCCCCCGAGAGCCAAGGTCCTCGGACCCCGCCCAGCCCTGGGTNTCTGCCTCCGGAGGA 7326

Qy       2243 rgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSer--SerProLeuAspSerThrAl 2262
              ||||||||:::||||||||||||||||||      |||  :::||||||:::|||   ||
Db       7327 GGGCTCCGTCCAGCGACTCCAAGGATCCCTTGGCCTCTGGGCCCCCCTGAACAGCATGGC 7386

Qy       2262 aAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProTh 2282
              |||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db       7387 TGCCTCGCCCTCCCCAAAGAAAGATGTGCTGAGTCTCTCCGGTTTATCCTCTGACCCAGC 7446

Qy       2282 rAspMetAspPro 2286
               |||:::||||||
Db       7447 AGACCTGGACCCC 7459

RESULT 7
US-10-930-301-51
; Sequence 51, Application US/10930301
; Publication No. US20050026207A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Issa, Jean-Pierre
;  TITLE OF INVENTION: CACNA1G POLYNUCLEOTIDE POLYPEPTIDE AND
;  TITLE OF INVENTION:  METHODS OF USE THEREFOR
;  FILE REFERENCE: JHU1590
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/930,301
;  CURRENT FILING DATE:  2004-08-30
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/398,522
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-15
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 120
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 51
;   LENGTH: 3993
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Artificial Sequence
;   FEATURE:
;   OTHER INFORMATION: CAGNA1G - a gene encoding a T-type calcium channel
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (373)...(3993)
US-10-930-301-51

Alignment Scores:
Pred. No.:                0             Length:          3993
Score:                    6103.00       Matches:         1173
Percent Similarity:       95.49%        Conservative:    12
Best Local Similarity:    94.52%        Mismatches:      52
```

```
Query Match:          50.74%     Indels:      4
DB:                   19         Gaps:        2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-930-301-51 (1-3993)

Qy            3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
                |||         |||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||   ||||||
Db          281 CCGCCGGGGCCCCCGGGTTGCGTGAGGACACCTCCTCTGAGGGGCGCCGCTTGCCCCTCT 340

Qy           23 SerAspProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAla 42
                   |||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          341 CCGGATCGCCCGGGGCCCCGGCTGGCCAGAGGATGGACGAGGAGGAGGATGGAGCGGGCG 400

Qy           43 ProArgSerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGly 62
                |||||||||||||||||||||   ||||||      ||||||||||||   |||||||||
Db          401 CCGAGGAGTCGGGACAGCCCCGGAGCTTCATGCGGCTCAACGACCTGTCGGGGGCCGGGG 460

Qy           63 Ala-AlaGlyAla-GlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluG 82
                ||| ||||||||| ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          461 GCCGGCCGGGGCCGGGGTCAGCAGAAAGGACCCGGGCAGCGCGGACTCCGAGGCGGAGG 520

Qy           82 lyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgP 102
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          521 GGCTGCCGTACCCGGCGCTGGCCCCGGTGGTTTTCTTCTACTTGAGCCAGGACAGCCGCC 580

Qy          102 roArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuV 122
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||
Db          581 CGCGGAGCTGGTGTCTCCGCACGGTCTGTAACCCCTGGTTTGAGCGCATCAGCATGTTGG 640

Qy          122 alIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysA 142
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          641 TCATCCTTCTCAACTGCGTGACCCTGGGCATGTTCCGGCCATGCGAGGACATCGCCTGTG 700

Qy          142 spSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaV 162
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          701 ACTCCCAGCGCTGCCGGATCCTGCAGGCCTTTGATGACTTCATCTTTGCCTTCTTTGCCG 760

Qy          162 alGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyA 182
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          761 TGGAGATGGTGGTGAAGATGGTGGCCTTGGGCATCTTTGGGAAAAAGTGTTACCTGGGAG 820

Qy          182 spThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuA 202
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          821 ACACTTGGAACCGGCTTGACTTTTTCATCGTCATCGCAGGGATGCTGGAGTACTCGCTGG 880

Qy          202 spLeuGlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgA 222
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          881 ACCTGCAGAACGTCAGCTTCTCAGCTGTCAGGACAGTCCGTGTGCTGCGACCGCTCAGGG 940

Qy          222 laIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProM 242
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          941 CCATTAACCGGGTGCCCAGCATGCGCATCCTTGTCACGTTGCTGCTGGATACGCTGCCCA 1000

Qy          242 etLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyV 262
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1001 TGCTGGGCAACGTCCTGCTGCTCTGCTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCGTCGGCG 1060

Qy          262 alGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuP 282
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1061 TCCAGCTGTGGGCAGGGCTGCTTCGGAACCGATGCTTCCTACCTGAGAATTTCAGCCTCC 1120

Qy          282 roLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheI 302
                ||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1121 CCCTGAGCGTGGACCTGGAGCGCTATTACCAGACAGAGAACGAGGATGAGAGCCCCTTCA 1180

Qy          302 leCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgG 322
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1181 TCTGCTCCCAGCCACGCGAGAACGGCATGCGGTCCTGCAGAAGCGTGCCCACGCTGCGCG 1240

Qy          322 lyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerA 342
                ||:::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db         1241 GGGACGGGGGCGGTGGCCCACCTTGCGGTCTGGACTATGAGGCCTACAACAGCTCCAGCA 1300

Qy          342 snThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnP 362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1301 ACACCACCTGTGTCAACTGGAACCAGTACTACACCAACTGCTCAGCGGGGGAGCACAACC 1360

Qy          362 roPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnV 382
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1361 CCTTCAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCTGGATCGCCATCTTCCAGG 1420

Qy          382 alIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheT 402
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1421 TCATCACGCTGGAGGGCTGGGTCGACATCATGTACTTTGTGATGGATGCTCATTCCTTCT 1480

Qy          402 yrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuC 422
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1481 ACAATTTCATCTACTTCATCCTCCTCATCATCGTGGGCTCCTTCTTCATGATCAACCTGT 1540

Qy          422 ysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetA 442
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1541 GCCTGGTGGTGATTGCCACGCAGTTCTCAGAGACCAAGCAGCGGGAAAGCCAGCTGATGC 1600

Qy          442 rgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProG 462
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1601 GGGAGCAGCGTGTGCGGTTCCTGTCCAACGCCAGCACCCTGGCTAGCTTCTCTGAGCCCG 1660

Qy          462 lySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgA 482
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1661 GCAGCTGCTATGAGGAGCTGCTCAAGTACCTGGTGTACATCCTTCGTAAGGCAGCCCGCA 1720

Qy          482 rgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValA 502
                |||||||||||||||||||||||   |||||||||   ||||||||||||||||||
Db         1721 GGCTGGCTCAGGTCTCTCGGGCAGCAGGTGTGCGGGTTGGGCTGCTCAGCAGCCCAGCAC 1780

Qy          502 laArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgArgLeuS 522
                        |||||||||   |||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||
Db         1781 CCCTCGGGGGCCAGGAGACCCAGCCCAGCAGCAGCTGCTCTCGCTCCCACCGCCGCCTAT 1840

Qy          522 erValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnG 542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1841 CCGTCCACCACCTGGTGCACCACCACCACCACCATCACCACCACTACCACCTGGGCAATG 1900

Qy          542 lyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerA 562
                |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         1901 GGACGCTCAGGGCCCCCCGGGCCAGCCCGGAGATCCAGGACAGGGATGCCAATGGGTCCC 1960

Qy          562 rgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyA 582
                ||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||   ||||||   ||||
Db         1961 GCCGGCTCATGCTGCCACCACCCTCGACGCCTGCCCTCTCCGGGGCCCCCCTGGTGGCG 2020

Qy          582 laGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnA 602
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2021 CAGAGTCTGTGCACAGCTTCTACCATGCCGACTGCCACTTAGAGCCAGTCCGCTGCCAGG 2080

Qy          602 laProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValT 622
                ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2081 CGCCCCCTCCCAGGTCCCCATCTGAGGCATCCGGCAGGACTGTGGGCAGCGGGAAGGTGT 2140

Qy          622 yrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluV 642
                ||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||:::||||||||||||||||
Db         2141 ATCCCACCGTGCACACCAGCCCTCCACCGGAGACGCTGAAGGAGAAGGCACTAGTAGAGG 2200

Qy          642 alAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheS 662
                |||||   |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||:::|
Db         2201 TGGCTGCCAGCTCTGGGCCCCCAACCCTCACCAGCCTCAACATCCCACCCGGGCCCTACA 2260

Qy          662 erSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysI 682
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||
Db         2261 GCTCCATGCACAAGCTGCTGGAGACACAGAGTACAGGTGCCTGCCAAAGCTCTTGCAAGA 2320

Qy          682 leSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrC 702
                ||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         2321 TCTCCAGCCCTTGCTTGAAAGCAGACAGTGGAGCCTGTGGTCCAGACAGCTGCCCCTACT 2380

Qy          702 ysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspS 722
```

```
               ||||||||   ||||||||||||   |||   ||||||      ||||||||||||||||
Db        2381 GTGCCCGGGCCGGGGCAGGGGAGGTGGAGCTCGCCGACCGTGAAATGCCTGACTCAGACA 2440

Qy         722 erGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisS 742
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2441 GCGAGGCAGTTTATGAGTTCACACAGGATGCCCAGCACAGCGACCTCCGGGACCCCCACA 2500

Qy         742 erArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheT 762
               ||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2501 GC---CGGCGGCAACGGAGCCTGGGCCCAGATGCAGAGCCCAGCTCTGTGCTGGCCTTCT 2557

Qy         762 rpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyI 782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2558 GGAGGCTAATCTGTGACACCTTCCGAAAGATTGTGGACAGCAAGTACTTTGGCCGGGGAA 2617

Qy         782 leMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProG 802
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2618 TCATGATCGCCATCCTGGTCAACACACTCAGCATGGGCATCGAATACCACGAGCAGCCCG 2677

Qy         802 luGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuG 822
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2678 AGGAGCTTACCAACGCCCTAGAAATCAGCAACATCGTCTTCACCAGCCTCTTTGCCCTGG 2737

Qy         822 luMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnI 842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2738 AGATGCTGCTGAAGCTGCTTGTGTATGGTCCCTTTGGCTACATCAAGAATCCCTACAACA 2797

Qy         842 lePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyG 862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2798 TCTTCGATGGTGTCATTGTGGTCATCAGCGTGTGGGAGATCGTGGGCCAGCAGGGGGGCG 2857

Qy         862 lyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuP 882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2858 GCCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGCCTGATGCGTGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCCTGC 2917

Qy         882 roAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheC 902
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2918 CGGCGCTGCAGCGGCAGCTGGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCT 2977

Qy         902 ysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyC 922
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2978 GCATGCTGCTTATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTGGGCATGCATCTCTTCGGCT 3037

Qy         922 ysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerL 942
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3038 GCAAGTTTGCCTCTGAGCGGGATGGGGACACCCTGCCAGACCGGAAGAATTTTGACTCCT 3097

Qy         942 euLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValL 962
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3098 TGCTCTGGGCCATCGTCACTGTCTTTCAGATCCTGACCCAGGAGGACTGGAACAAAGTCC 3157

Qy         962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3158 TCTACAATGGTATGGCCTCCACGTCGTCCTGGGCGGCCCTTTATTTCATTGCCCTCATGA 3217

Qy         982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3218 CCTTCGGCAACTACGTGCTCTTCAATTTGCTGGTCGCCATTCTGGTGGAGGGCTTCCAGG 3277

Qy        1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
               ||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db        3278 CGGAGGGAGATGCCAACAAGTCCGAATCAGAGCCCGATTTCTTCTCACCCAGCCTGGATG 3337

Qy        1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
               ||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||   |||||||
Db        3338 GTGATGGGGACAGGAAGAAGTGCTTGGCCTTGGTGTCCCTGGGAGAGCACCCGGAGCTGC 3397

Qy        1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||
Db        3398 GGAAGAGCCTGCTGCCGCCTCTCATCATCCACACGGCCGCCACACCCATGTCGCTGCCCA 3457

Qy        1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
               |||||:::|||||||||:::|||||||||||||||      |||||||||||||||||||
Db        3458 AGAGCACCAGCACGGGCCTGGGCGAGGCGCTGGGCCCTGCGTCGCGCCGCACCAGCAGCA 3517

Qy        1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
               ||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||
Db        3518 GCGGGTCGGCAGAGCCTGGGGCGGCC---CACGAGATGAAGTCACCGCCCAGCGCCCGCA 3574

Qy        1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3575 GCTCTCCGCACAGCCCCTGGAGCGCTGCAAGCAGCTGGACCAGCAGGCGCTCCAGCCGGA 3634

Qy        1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3635 ACAGCCTCGGCCGTGCACCCAGCCTGAAGCGGAGAAGCCCAAGTGGAGAGCGGCGGTCCC 3694

Qy        1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||
Db        3695 TGTTGTCGGGAGAAGGCCAGGAGAGCCAGGATGAAGAGGAGAGCTCAGAAGAGGAGCGGG 3754

Qy        1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3755 CCAGCCCTGCGGGCAGTGACCATCGCCACAGGGGGTCCCTGGAGCGGGAGGCCAAGAGTT 3814

Qy        1182 erPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgS 1202
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3815 CCTTTGACCTGCCAGACACACTGCAGGTGCCAGGGCTGCATCGCACTGCCAGTGGCCGAG 3874

Qy        1202 erSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgT 1222
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        3875 GGTCTGCTTCTGAGCACCAGGACTGCAATGGCAAGTCGGCTTCAGGGCGCCTGGCCCGGG 3934

Qy        1222 hrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeu 1241
                 ||||||   |||||||||   |||||||||||||||   :::||||||||||||||||
Db        3935 CCCTGCGGCCTGATGACCCCCCACTGGATGGGGATGACGCCGATGACGAGGGCAACCTG 3993

RESULT 8
US-10-377-139-8
; Sequence 8, Application US/10377139
; Publication No. US20040175761A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: MacKinnon, Roderick
;  APPLICANT:  Jiang, Youxing
;  APPLICANT:  Lee MacKinnon, Alice
;  APPLICANT:  Ruta, Vanessa
;  TITLE OF INVENTION: Voltage Sensor Domains of  Voltage-Dependent Ion Channel Proteins
;  TITLE OF INVENTION:  Uses Thereof
;  FILE REFERENCE: Seq. Nos. 1-21 for 1119-9
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/377,139
;  CURRENT FILING DATE:  2003-03-01
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
;  SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 8
;   LENGTH: 6990
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
US-10-377-139-8

Alignment Scores:
Pred. No.:                0           Length:        6990
Score:                    5432.50     Matches:       1234
Percent Similarity:       62.21%      Conservative:  241
Best Local Similarity:    52.05%      Mismatches:    514
Query Match:              45.17%      Indels:        387
DB:                       18          Gaps:          62

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-377-139-8 (1-6990)

Qy          12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
               :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db          16 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 75

Qy          26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
               ||||||||||||
Db          76 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 87
```

```
Qy      46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                 ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db      88 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 135

Qy      66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                             ||||||                           :::|||:::
Db     136 ------------------GATCCT------------------------CATGTCCCACAC 153

Qy      86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
           |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db     154 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 213

Qy     106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
           |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db     214 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 273

Qy     126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
           |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db     274 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 333

Qy     146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
           |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db     334 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 393

Qy     166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
           :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     394 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 453

Qy     186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
           |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db     454 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 513

Qy     206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
           ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db     514 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 573

Qy     226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
           ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     574 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 633

Qy     246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db     634 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 693

Qy     266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
           ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db     694 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 753

Qy     286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
              |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db     754 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 813

Qy     306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                 :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db     814 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 867

Qy     326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
              |||      |||   |||                  |||:::
Db     868 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 924

Qy     340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                 |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db     925 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 984

Qy     358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
           |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     985 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1044

Qy     378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
              |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db    1045 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1104

Qy     398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1105 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1164

Qy     418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1165 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1224

Qy     438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
              :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db    1225 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1281

Qy     458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
           ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db    1282 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1341

Qy     478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
           ||||||   ||||||         :::   :::|||:::      |||         |||
Db    1342 AAGGCCAAGCGCCGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAGAGCCGGCGCCAGGCCCTG 1401

Qy     498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
                 |||   |||   :::      :::|||   |||
Db    1402 ---GGCCCGGAGGCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------------------- 1437

Qy     518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHis------------ 533
                                |||               |||:::|||
Db    1438 ---------------------CACGCCAAGGAGCCCCGGCACTACCATGGGAAGACTAAG 1476

Qy     534 ---------HisHisHisTyrHisLeuGlyAsn---------GlyThrLeuArgValPro 547
                                |||||||||:::            ||||||      |||
Db    1477 GGTCAGGGAGATGAAGGGAGACATCTCGGAAGCCGGCATTGCCAGACTTTGCATGGGCCT 1536

Qy     548 ArgAlaSerPro-GluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuPr 567
              ||||||||| |||:::      |||:::   :::   :::|||   :::      ||
Db    1537 ---GCCTCCCCTGGAAATGATCACTCGGGAAGAGAGCTGTGCCCGCAACATA---GCCCC 1590

Qy     567 oProProSerThrProThrPro------SerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerVa 585
           |            |||||||||      |||      |||||||||
Db    1591 CTGGATGCGACGCCCCACACCCTGGTGCAGCCCATCCCCGCCACGC-------------- 1636

Qy     585 lHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProPr 605
                                                               |||   ||
Db    1637 ----------------------------------------------TGGCTTCCGATCCC 1650

Qy     605 oArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysValTyrProThrVa 625
           |               ||||||   ||||||   |||      :::   :::
Db    1651 GCCAGCTGCCCTTGCTGCCAGCATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGG-------- 1702

Qy     625 lHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGluValAlaProSe 645
                  :::   |||            :::   :::|||
Db    1703 -------GCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCGGGCT-------------------- 1735

Qy     645 rProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHi 665
            ||||||   |||   :::
Db    1736 -CCGGGAGCTCCGCTGGTGGCG-------------------------------------- 1756

Qy     665 sLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerPr 685
                        |||:::      |||
Db    1757 ----------AGGACGAGGCGGATGGGG-------------------------------- 1774

Qy     685 oCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgTh 705
                                                                     ||
Db    1775 ----------------------------------------------------------AC 1776

Qy     705 rGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaVa 725
           ||||   |||
Db    1777 GGGGCCCGGAGCAGCGAGG----------------------------------------- 1795

Qy     725 lTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgAr 745
                     |||:::      |||:::         |||            ||||||||
Db    1796 ----------ACGGAGCCTCCTCAGAACTGGGGAAGGAGG---------AGGAGGAGGAG 1836

Qy     745 gGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIl 765
```

```
           |   |||   :::|||                     |||         ||||||
Db    1837 GAGCAGGCGGATGGGGCGGTCTGGCTG-TGCGGGGATGTG---------TGGCGGGAGAC 1886

Qy     765 eCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAl 785
                        |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::||
Db    1887 GCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGC 1946

Qy     785 aIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuTh 805
           ||||||||||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||
Db    1947 CATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGAC 2006

Qy     805 rAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLe 825
           ||||   |||||||||   ||||:::||||||||||||:::|||||||||||||||:::||
Db    2007 CAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTCTTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCT 2066

Qy     825 uLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGl 845
           |||||||      :::|||   |||   |||::::::|||||||||||||||||||||
Db    2067 GAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGACTACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAG 2126

Qy     845 yValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerVa 865
            :::||||||:::||||||:::||||||||||||||||||      ||||||||||||||
Db    2127 CATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAGATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGT 2186

Qy     865 lLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGl 885
           |||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||::
Db    2187 GCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTGCTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCG 2246

Qy     885 nArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLe 905
           :|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2247 GCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCT 2306

Qy     905 uMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAl 925
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||::
Db    2307 CATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATCCTTGGGATGCATATTTTGGCTGCAAGTTCAG 2366

Qy     925 aSerGluArgAsp---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTr 944
           :         |||   |||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2367 CCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTGCCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTG 2426

Qy     944 pAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAs 964
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||
Db    2427 GGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTCACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAA 2486

Qy     964 nGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGl 984
           |||||||||||||||||||   ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||
Db    2487 TGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCCTCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGG 2546

Qy     984 yAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGl 1004
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2547 CAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTGGCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGG 2606

Qy    1004 yAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerVal----------- 1020
           |||||||   :::|||   |||:::   |||      |||   ::::::
Db    2607 TGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAGGACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGA 2666

Qy    1021 -------------------AspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAl 1034
                              |||      ||||||   |||      |||      :::
Db    2667 TAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGCGGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCC 2720

Qy    1034 aLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr-- 1053
            :::      :::      |||      ||||||      ||||||      |||
Db    2721 CATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCCAGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGG 2774

Qy    1054 ----------AlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGl 1070
                     ||||||   |||         |||:::   |||
Db    2775 TCCTGCTGGGGCTGCGGACCTGCC------CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCAT 2828

Qy    1070 uAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAl 1090
               :::      |||||||||::::::|||                     |||
Db    2829 GCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGCAGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGAT 2879

Qy    1090 aHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAl 1110
               ::::::   :::         |||:::|||||||||   :::   ||||||
Db    2880 GAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGCTCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCG 2939

Qy    1110 aAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLe 1130
            :::::::::|||   |||||||||||||||   |||                  |||||
Db    2940 CAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCCAGCTGGAAC-----------------AGCCT 2981

Qy    1130 uLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGl 1149
           ||||   :::   ||||||   |||      ||||||||||||   |||   |||
Db    2982 CAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCATGAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGG 3041

Qy    1149 uSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGlu------AspArgAlaSerProAlaGlySe 1167
            ::::::      |||   :::::::::|||         ||||||:::|||      ::
Db    3042 CGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGACGAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACAC 3101

Qy    1167 rAspHis---------------------------------------------ArgHisAr 1172
           :   |||                                                |||||
Db    3102 CCCACACGCCCACCACATTCATCACGGGCCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCG 3161

Qy    1172 gGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValPr 1192
           |   :::|||      :::   :::   |||   ||||||   :::   :::
Db    3162 CCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGACTCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGT 3221

Qy    1192 oGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSer------AlaSerGluHisGlnAspCy 1210
            |||   |||      |||:::   |||::::::      |||      |||:::|||||
Db    3222 GGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGGGCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTG 3281

Qy    1210 sAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGl 1229
           |||||||:::      |||      :::|||:::   :::   |||            ::
Db    3282 CAATGGCAGGATGCCCAGC------ATCGCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCG 3335

Qy    1229 nLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAl 1249
           :   |||      :::|||   :::|||   :::   :::         |||::::::
Db    3336 CGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAAATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAA 3395

Qy    1249 aTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIl 1269
               :::            |||      |||      |||:::   ||||||   |||::
Db    3396 GATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGGTGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCT 3455

Qy    1269 ePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPh 1289
           :|||   |||::::::|||||||||:::||||||      ||||||   ||||||:::||
Db    3456 CTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTCCTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTT 3515

Qy    1289 eAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgPr 1309
           ||||:::|||||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||
Db    3516 CGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTTCTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCC 3575

Qy    1309 oLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheTh 1329
           |:::|||:::      |||   ||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||
Db    3576 TCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGCATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCAC 3635

Qy    1329 rAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGl 1349
           ||||:::|||:::   |||||||||:::|||||||||:::||||||      ||||||||
Db    3636 GGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTGAAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGA 3695

Qy    1349 uGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerVa 1369
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   :::|||::
Db    3696 GCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAACGTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCAT 3755

Qy    1369 lIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuAr 1389
           :|||||||||:::||||||:::   |||      |||   ||||||||||||:::|||||
Db    3756 CATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCAGCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCG 3815

Qy    1389 gValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLe 1409
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db    3816 AGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGCCCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCT 3875

Qy    1409 uLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIl 1429
           ||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||:::||
Db    3876 GAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCCTCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCAT 3935

Qy    1429 eCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPh 1449
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3936 CTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGCATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTT 3995
```

```
Qy    1449 ePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAl 1469
           |:::   |||   |||   |||||||||||||||||||||:::|||||||||      ||
Db    3996 CTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGCAACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGC 4055

Qy    1469 aSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSe 1489
           |:::||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4056 CAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATACAACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTC 4115

Qy    1489 rLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAl 1509
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||
Db    4116 CCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGTTGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGC 4175

Qy    1509 aValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIl 1529
           ||||   |||||||||||||||:::   ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4176 TGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACCAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCAT 4235

Qy    1529 eSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGl 1549
           |||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4236 CTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGA 4295

Qy    1549 uAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLy 1569
           |||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||
Db    4296 GAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAGGAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAA 4355

Qy    1569 sArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGl 1589
           |||||||||||||||||||||||||||||||                     :::|||||
Db    4356 GCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGCCGG---------------------AAGGCCCA 4394

Qy    1589 nCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysTh 1609
           |      |||||||||:::   |||         |||||||||:::|||   :::|||||
Db    4395 GCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGTCACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCAC 4454

Qy    1609 rSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAl 1629
           ||||||||||||||||:::|||||||||   :::|||   ||||||||||||||||||::
Db    4455 CAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACCTTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTC 4514

Qy    1629 aMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIl 1649
           ::::|||||||||   ||||||      |||:::   |||||||||   |||||||||::
Db    4515 CCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCCCTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATAT 4574

Qy    1649 ePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgAr 1669
           :||||||   :::||||||   |||:::|||   |||||||||||||||      |||||
Db    4575 GTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCTGTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCG 4634

Qy    1669 gPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGl 1689
           |||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||
Db    4635 CTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGG 4694

Qy    1689 yIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleAr 1709
           ||||||||||||||||||||||:::|||   :::||||||||||||||||||||||||||
Db    4695 CATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAATGCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCG 4754

Qy    1709 gIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMe 1729
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||
Db    4755 CATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGAGTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAAT 4814

Qy    1729 tArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLe 1749
           |||||||||||||   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4815 GCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAAGCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCT 4874

Qy    1749 uPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGl 1769
           ||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||
Db    4875 CTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCTGCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGT 4934

Qy    1769 uCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGl 1789
            |||::::::   :::||||||||||||:::   |||||||||||||||   ||||||||
Db    4935 CTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGCATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGG 4994

Qy    1789 yMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLy 1809
           ||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4995 CATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTCTCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAA 5054

Qy    1809 sAspProSerArgAspCys---AspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal------Il 1826
           ||||      |||||||||         |||   :::|||   :::::::::      ::
Db    5055 GGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGACGAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGT 5114

Qy    1826 eSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValVa 1846
           :||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||
Db    5115 GTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTGCTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGT 5174

Qy    1846 lIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGl 1866
           |:::|||||||||||||||||||||::::::|||||||||||||||:::|||:::|||||
Db    5175 GGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGACGACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGA 5234

Qy    1866 uLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet---LysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
           |::::::|||||||||||||||||||||         |||   |||   |||      ||
Db    5235 GATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATGGCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCC 5294

Qy    1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpPro---------------GlyValGluGlyValAsnSe 1900
           |   |||||||||         |||               |||      |||
Db    5295 TACCGGCTCCCCGGGCGCC---CCTGGCCGAGGGCCGGGAGGGGCGGGCGGCGGGGGCGA 5351

Qy    1900 rThrAsp------------------------SerProLysProGlyAlaPro-------- 1909
            |||:::                        ||||||   ||||||   |||
Db    5352 CACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGCTACTCGCCTGC-CCAGGAGAACCTGTGGCTGG 5410

Qy    1910 ----HisThrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMe 1928
                           |||   |||         |||         :::|||
Db    5411 ACAGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTCCTTGGAGGG---GGAGCTGACCAT-------- 5459

Qy    1928 tValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLy 1948
                  |||   :::   |||   :::   |||   |||   ||||||      |||
Db    5460 -------CATCGACAACCTGTCGGGCTCCATCTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCT 5512

Qy    1948 sSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySe 1968
                  ||||||               |||
Db    5513 GCAAGAAGTGTCA---------------CCACGACAA----------------------- 5534

Qy    1968 rThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySe 1988
               |||      :::   |||      |||      ||||||:::   :::
Db    5535 ----GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGACGGAGGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCT 5590

Qy    1988 rIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAs 2008
            :::               :::|||
Db    5591 CGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAGTCTCGAGGA----------------------- 5627

Qy    2008 pValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuPr 2028
                              ||||||      |||||||||         |||:::
Db    5628 -------------------CCCCACAGCCTGCCCACCTGG---------CCGCAAAGACA 5659

Qy    2028 oPro---------------------------------------ProGlyArgSerProLe 2035
                                                      |||||||||      ||
Db    5660 GCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCCCATGCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCT 5719

Qy    2035 uAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGl 2055
           |         |||||||||            |||:::      |||      |||:::
Db    5720 TCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGCCGGATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATG 5775

Qy    2055 yLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrAr 2075
                  |||               |||   :::|||||||||         :::|||
Db    5776 GAGGAGATCCCAT------------TCAACCCTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA-- 5821

Qy    2075 gSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSe 2095

Db    5821 ------------------------------------------------------------ 5821

Qy    2095 rLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAl 2115
                     ||||||   ::::::|||:::|||
Db    5822 ----GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCTTCTCCC-------------------------- 5851

Qy    2115 aLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSe 2135
            :::   ||||||                                          :::||
Db    5852 -CGGATGCCTCCAGCC---------------------------------------CTCTC 5871

Qy    2135 rGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPhePro------ArgAspLeuLy 2153
```

```
            |            |||||||||                  |||      :::      ||
Db     5872 CTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACCCTGCAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAA 5931

Qy     2153 sLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGl 2173
            |:::      ::::::|||               |||      |||    |||
Db     5932 AAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCAAGATTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT-- 5988

Qy     2173 uGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeu------------AspSerGlySerGl 2189
                         |||      |||:::|||                  :::||||||
Db     5989 -------CTGCGGTCACCAAGGGTCAACTGTACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGA 6041

Qy     2189 nProArgLeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySe 2209
                   |||      |||||||||   |||   |||||||||
Db     6042 CACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG-CTCCGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGG 6100

Qy     2209 rArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGl 2229
             :::|||      :::      ||||||:::                           ||
Db     6101 ACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCGGCG--------------------TGCCCTGG 6139

Qy     2229 ySerArgProProCysSer------ProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSe 2247
            |:::         ||||||      ||||||      :::   ||||||:::|||
Db     6140 GGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCGGGCCGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCC 6199

Qy     2247 rAspSerLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerPr 2267
             :::         |||            |||      :::       ||||||     ||
Db     6200 TGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAGCCTGCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCC 6259

Qy     2267 oLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
            |::::::      |||         ||||||
Db     6260 ACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGGCTG 6290

RESULT 9
US-09-935-541-1
; Sequence 1, Application US/09935541
; Patent No. US20020150911A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 6816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6716)
US-09-935-541-1

Alignment Scores:
Pred. No.:                 0              Length:          6816
Score:                     5420.00        Matches:         1223
Percent Similarity:        61.74%         Conservative:    234
Best Local Similarity:     51.82%         Mismatches:      494
Query Match:               45.06%         Indels:          413
DB:                        9              Gaps:            60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-1 (1-6816)

Qy       12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
            :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db      207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy       26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
            ||||||||||||
Db      267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278
```

```
Qy       46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                  ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db      279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy       66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                              ||||||                           :::|||:::
Db      327 ------------------GATCCT---------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy       86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
            |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db      345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy      106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
            |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db      405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy      126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
            |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db      465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy      146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
            |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db      525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy      166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
            :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy      186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
            |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db      645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy      206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
            ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db      705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy      226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
            ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy      246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db      825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy      266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
            ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db      885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy      286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
               |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db      945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy      306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                  :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db     1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy      326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
               |||      |||   |||                  |||:::
Db     1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy      340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                  |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db     1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy      358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
            |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy      378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
               |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db     1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295
```

```
Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy         498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
               |||
Db        1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy         518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                  ||||||   ::::::
Db        1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy         538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                       ||||||
Db        1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy         558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                           |||   |||:::   |||   |||
Db        1602 ------------------------GCCCCGGCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy         578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                   ||||||            ||||||
Db        1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy         598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                        |||      |||         |||   :::|||
Db        1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy         618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                 |||   ||||||
Db        1686 -----------------ACGCCCACACC-------------------------------- 1697

Qy         638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                  ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db        1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy         658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                                :::      |||         |||
Db        1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy         677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
               |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db        1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy         697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                  |||                  :::      ||||||   |||:::
Db        1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy         717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                     |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db        1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy         737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
               |||                        |||                  |||:::   :::
Db        1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG-----------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy         757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                     |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db        1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy         775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
               ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db        2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy         795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
               ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db        2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy         815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
               |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db        2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy         835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
               |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db        2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy         855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
               ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db        2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy         875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
               ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy         895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy         915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
               ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db        2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy         934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy         954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
               ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db        2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy         974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
               :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy         994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db        2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy        1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
               |||      |||   ::::::                              |||
Db        2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy        1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
               ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db        2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy        1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
               ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db        2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGGACCTGCC--- 2885

Qy        1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
                  |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db        2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy        1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
               |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db        2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy        1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
               :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::||||||||||||||||||
Db    2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy    1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
           |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db    3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy    1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
              ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db    3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy    1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
           |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db    3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy    1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                      ||||||   :::|||      :::   :::
Db    3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy    1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
           |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db    3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy    1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
           ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db    3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy    1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
           |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db    3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy    1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
              :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db    3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy    1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
           |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db    3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy    1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
           ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db    3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy    1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
           |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db    3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy    1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
           ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db    3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy    1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
           |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy    1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
           ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db    3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy    1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                 |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy    1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
           ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db    3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy    1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
           |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db    3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy    1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
           |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db    4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy    1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
           ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db    4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy    1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy    1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
           ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db    4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy    1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db    4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy    1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy    1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
           |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy    1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
           |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db    4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy    1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                 |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db    4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy    1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
              :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db    4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy    1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
           |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db    4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy    1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
           |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db    4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy    1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
           ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db    4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy    1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
              :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy    1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
           ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db    4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy    1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db    4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy    1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
           ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db    4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy    1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
           :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db    5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy    1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db    5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168
```

```
Qy        1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
               |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db        5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy        1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db        5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy        1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
               :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db        5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy        1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGly 1894
                        |||   |||   |||      |||   ||||||
Db        5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCC------------------ 5390

Qy        1895 ValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHis 1914
                                                ||||||||||||
Db        5391 ---------------------------------CCGGGCGCCCTGGCCGAGGGCCG--- 5414

Qy        1915 IleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValPro------------ 1930
                  |||   |||   |||                     :::||||||
Db        5415 ---GGAGGGGCGGGCGGCGG-GGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGCTACTC 5470

Qy        1931 ------------------------------------HisProGluGluValProValPro 1938
                                                   |||   :::   |||   :::
Db        5471 GCCTGCCCAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATCGACAACCTGTCGGCTCCAT 5530

Qy        1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
               |||   |||   ||||||      |||         ||||||               |||
Db        5531 CTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA---------------CCA 5575

Qy        1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGly 1978
                                                |||      :::   |||      |||
Db        5576 CGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGACGGA 5608

Qy        1979 TrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAsp 1998
                     ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db        5609 GGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAGTCT 5668

Qy        1999 ThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla 2018
                                                               ||||||
Db        5669 CGAGGA------------------------------------------CCCCACAGCCTG 5686

Qy        2019 ProThrTrpGlyAlaIleProLys------------------------------------ 2026
               |||||||||         |||:::
Db        5687 CCCACCTGG---------CCGCAAGGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCCCAT 5737

Qy        2027 ---LeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAla 2045
                           |||||||||      |||         |||||||||
Db        5738 GCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGCCGG 5796

Qy        2046 IleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu 2065
               |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db        5797 ATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCAACC 5841

Qy        2066 ValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIle 2085
               :::|||||||||         :::|||
Db        5842 CTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA--------------------------------- 5868

Qy        2086 GlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAla 2105
                                                      ||||||   ::::::|||:::
Db        5869 ---------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCTTCT 5895

Qy        2106 ProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeu 2125
               |||                           :::   ||||||
Db        5896 CCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC--------------- 5913

Qy        2126 GluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGlu 2145
                                       :::|||            |||||||||
Db        5914 ------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACCCTG 5949

Qy        2146 ProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCys 2163
                        |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db        5950 CAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCAAGA 6009

Qy        2164 ArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCys 2183
                  |||      |||   |||                     |||      |||:::|||
Db        6010 TTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAACTGT 6059

Qy        2184 Leu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeu 2199
                                 :::||||||         |||      |||||||||   |||
Db        6060 ACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG-CTC 6118

Qy        2200 GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSer 2219
                  |||||||||                  :::|||      :::      ||||||:::
Db        6119 CGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCGGCG 6178

Qy        2220 IleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------ProGly 2237
                                          |||:::         ||||||      ||||||
Db        6179 ---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCGGGC 6217

Qy        2238 ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerPro 2257
                     :::   ||||||:::|||      :::         |||            |||
Db        6218 CGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAGCCT 6277

Qy        2258 LeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
                     :::      ||||||      |||::::::      |||         ||||||
Db        6278 GCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGGCTG 6337

RESULT 10
US-10-425-800-1
; Sequence 1, Application US/10425800
; Publication No. US20030180886A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,800
;  CURRENT FILING DATE:  2003-04-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 1
;   LENGTH: 6816
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6716)
US-10-425-800-1

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         6816
Score:                  5420.00        Matches:        1223
Percent Similarity:     61.74%         Conservative:   234
Best Local Similarity:  51.82%         Mismatches:     494
Query Match:            45.06%         Indels:         413
DB:                     16             Gaps:           60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-425-800-1 (1-6816)

Qy          12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
               :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db         207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy          26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
               ||||||||||||
Db         267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy          46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                     ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db         279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326
```

```
Qy          66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                 ||||||                           :::|||:::
Db         327 ------------------GATCCT------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy          86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
               |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db         345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy         106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
               |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||         ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355
```

```
Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy         498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
               |||
Db        1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy         518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                  ||||||   ::::::
Db        1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy         538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                      ||||||
Db        1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy         558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                          |||   |||:::   |||   |||
Db        1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy         578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                   ||||||            ||||||
Db        1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy         598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                        |||      |||         |||   :::|||
Db        1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy         618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                 |||   ||||||
Db        1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy         638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                  ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db        1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy         658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                                :::      |||         |||
Db        1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy         677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
               |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db        1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy         697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                  |||                  :::      ||||||   |||:::
Db        1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy         717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                     |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db        1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy         737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
               |||                        |||                  |||:::   :::
Db        1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy         757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                     |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db        1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy         775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
```

```
            ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db     2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy      795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
            ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db     2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy      815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
            |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db     2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy      835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
            |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db     2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy      855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
            ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db     2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy      875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
            ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db     2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy      895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy      915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
            ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db     2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy      934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy      954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
            ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db     2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy      974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
            :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy      994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db     2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy     1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
            |||      |||   ::::::                              |||
Db     2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy     1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
            ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db     2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy     1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
            ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db     2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGGACCTGCC--- 2885

Qy     1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
               |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db     2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy     1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
            |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db     2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy     1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
            :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db     2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy     1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
            |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db     3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy     1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
               ||||||||||||   |||   |||      ::::::         |||   :::::::::
Db     3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy     1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
            |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db     3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy     1170 ---------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                       ||||||   :::|||      :::   :::
Db     3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy     1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
            |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db     3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy     1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
            ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db     3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy     1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
            |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db     3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy     1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
               :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db     3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy     1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
            |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db     3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy     1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
            ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db     3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy     1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
            |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db     3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy     1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
            ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db     3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy     1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
            |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy     1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
            ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db     3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy     1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                  |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy     1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
            ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db     3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy     1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
            |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy     1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
            |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db     4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy     1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
            ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db     4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169
```

```
Qy   1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy   1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
          ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db   4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy   1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db   4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy   1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy   1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
          |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy   1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
          |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db   4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy   1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db   4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy   1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
             :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db   4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy   1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
          |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db   4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy   1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
          |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db   4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy   1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
          ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db   4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy   1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
             :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy   1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
          ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db   4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy   1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db   4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy   1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
          ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db   4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy   1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
          :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db   5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy   1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db   5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy   1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
          |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db   5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy   1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
          |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db   5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy   1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
          :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db   5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy   1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGly 1894
                   |||   |||   |||      |||   ||||||
Db   5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCC------------------ 5390

Qy   1895 ValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHis 1914
                                           ||||||||||||
Db   5391 ---------------------------------CCGGGCGCCCCTGGCCGAGGGCCG--- 5414

Qy   1915 IleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValPro------------ 1930
             |||   |||   |||                     :::||||||
Db   5415 ---GGAGGGGCGGGCGGCGG-GGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGCTACTC 5470

Qy   1931 ------------------------------------HisProGluGluValProValPro 1938
                                              |||   :::   |||   :::
Db   5471 GCCTGCCCAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATCGACAACCTGTCGGGCTCCAT 5530

Qy   1939 LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuPro 1958
          |||   |||   ||||||      |||         ||||||               |||
Db   5531 CTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA---------------CCA 5575

Qy   1959 AsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGly 1978
                                        |||         :::   |||      |||
Db   5576 CGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGACGGA 5608

Qy   1979 TrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAsp 1998
                ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db   5609 GGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAGTCT 5668

Qy   1999 ThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla 2018
                                                          ||||||
Db   5669 CGAGGA------------------------------------------CCCCACAGCCTG 5686

Qy   2019 ProThrTrpGlyAlaIleProLys------------------------------------ 2026
          |||||||||         |||:::
Db   5687 CCCACCTGG---------CCGCAAGGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCCCAT 5737

Qy   2027 ---LeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAla 2045
                      |||||||||      |||         |||||||||
Db   5738 GCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGCCGG 5796

Qy   2046 IleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu 2065
          |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db   5797 ATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCAACC 5841

Qy   2066 ValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIle 2085
          :::|||||||||         :::|||
Db   5842 CTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA--------------------------------- 5868

Qy   2086 GlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAla 2105
                                                 ||||||   ::::::|||:::
Db   5869 ---------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCTTCT 5895

Qy   2106 ProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeu 2125
          |||                           :::   ||||||
Db   5896 CCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC--------------- 5913

Qy   2126 GluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGlu 2145
                                  :::|||            |||||||||
Db   5914 ------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACCCTG 5949

Qy   2146 ProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCys 2163
                   |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db   5950 CAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCAAGA 6009

Qy   2164 ArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCys 2183
```

```
                  |||      |||   |||                     |||      |||:::|||
Db        6010 TTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAACTGT 6059

Qy        2184 Leu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeu 2199
                                 :::||||||         |||      |||||||||   |||
Db        6060 ACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG-CTC 6118

Qy        2200 GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProProSer 2219
                  |||||||||                  :::|||      :::      ||||||:::
Db        6119 CGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCGGCG 6178

Qy        2220 IleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------ProGly 2237
                                          |||:::         ||||||      ||||||
Db        6179 ---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCGGGC 6217

Qy        2238 ValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSerPro 2257
                     :::   ||||||:::|||      :::         |||            |||
Db        6218 CGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAGCCT 6277

Qy        2258 LeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeu 2277
                     :::      ||||||      |||::::::      |||         ||||||
Db        6278 GCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGGCTG 6337

RESULT 11
US-09-935-541-3
; Sequence 3, Application US/09935541
; Patent No. US20020150911A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 6855
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6755)
US-09-935-541-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0               Length:         6855
Score:                  5420.00         Matches:        1228
Percent Similarity:     61.97%          Conservative:   235
Best Local Similarity:  52.01%          Mismatches:     500
Query Match:            45.06%          Indels:         402
DB:                     9               Gaps:           63

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-3 (1-6855)

Qy          12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
               :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db         207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy          26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
               ||||||||||||
Db         267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy          46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                     ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db         279 ------AGCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy          66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                 ||||||                           :::|||:::
Db         327 ------------------GATCCT------------------------CATGTCCCACAC 344

Qy          86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
               |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db         345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy         106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
               |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGCTGCCATGAGATCCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415
```

```
Qy     438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
              :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db    1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy     458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
           ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db    1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy     478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
           ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db    1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy     498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
           |||
Db    1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy     518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
              ||||||   ::::::
Db    1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy     538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                  ||||||
Db    1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy     558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                      |||   |||:::   |||   |||
Db    1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy     578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                               ||||||            ||||||
Db    1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy     598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                    |||      |||         |||   :::|||
Db    1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy     618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                             |||   ||||||
Db    1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy     638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
              ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db    1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy     658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                            :::      |||         |||
Db    1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy     677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
           |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db    1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy     697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
              |||                  :::      ||||||   |||:::
Db    1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy     717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                 |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db    1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy     737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
           |||                        |||                  |||:::   :::
Db    1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy     757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                 |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db    1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy     775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
           ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db    2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy     795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
           ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db    2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy     815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
           |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db    2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy     835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
           |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db    2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy     855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
           ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db    2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy     875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
           ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db    2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy     895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy     915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
           ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db    2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy     934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy     954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
           ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db    2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy     974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
           :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy     994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db    2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy    1014 AspPhePheSerProSerVal------------------------------AspGlyAsp 1023
           |||      |||   ::::::                              |||
Db    2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy    1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
           ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db    2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy    1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
           ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db    2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGACCTGCC--- 2885

Qy    1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
              |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db    2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy    1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
           |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db    2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy    1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
           :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db    2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy    1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
           |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db    3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy    1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
              ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
```

```
Db       3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy       1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
              |||         ||||||:::|||   :::   |||
Db       3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy       1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                         ||||||   :::|||      :::   :::
Db       3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy       1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
              |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db       3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy       1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
              ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db       3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy       1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
              |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db       3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy       1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
                 :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db       3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy       1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
              |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db       3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy       1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
              ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db       3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy       1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db       3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy       1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
              ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db       3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy       1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
              |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy       1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
              ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db       3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy       1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                    |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy       1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
              ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy       1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
              |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db       3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy       1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
              |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db       4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy       1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
              ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db       4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy       1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229

Qy       1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
              ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db       4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy       1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db       4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy       1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy       1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy       1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
              |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db       4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy       1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                    |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db       4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy       1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
                 :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db       4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy       1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
              |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db       4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy       1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
              |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db       4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy       1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
              ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy       1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
                 :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy       1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
              ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db       4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy       1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy       1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
              ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db       4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy       1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
              :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db       5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy       1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db       5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy       1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
              |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db       5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy       1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db       5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288
```

```
Qy       1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
              :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db       5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy       1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro--- 1893
                       |||   |||   |||      |||   |||||||||         |||
Db       5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCCCCGGGCGCC---CCTGGC 5405

Qy       1894 ------------GlyValGluGlyValAsnSerThrAsp--------------------- 1902
                          |||      |||         |||:::
Db       5406 CGAGGGCCGGGAGGGGCGGGCGGCGGGGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGC 5465

Qy       1903 ---SerProLysProGlyAlaPro------------HisThrThrAlaHisIleGlyAla 1917
                 ||||||   ||||||   |||                        |||   |||
Db       5466 TACTCGCCTGC-CCAGGAGAACCTGTGGCTGGACAGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTC 5524

Qy       1918 AlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProVal 1937
                    |||         :::|||               |||   :::   |||   :::
Db       5525 CTTGGAGGG---GGAGCTGACCAT---------------CATCGACAACCTGTCGGGCTC 5566

Qy       1938 ProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeu 1957
                 |||   |||   ||||||      |||         ||||||
Db       5567 CATCTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA--------------- 5611

Qy       1958 ProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArg 1977
              |||                                 |||      :::   |||
Db       5612 CCACGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGAC 5644

Qy       1978 GlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAla 1997
              |||      ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db       5645 GGAGGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAG 5704

Qy       1998 AspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGly 2017
                                                                 ||||||
Db       5705 TCTCGAGGA------------------------------------------CCCCACAGC 5722

Qy       2018 AlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProPro------------------------ 2029
                 |||||||||         |||:::
Db       5723 CTGCCCACCTGG---------CCGCAAAGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCC 5773

Qy       2030 ---------------ProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAla 2044
                             |||||||||      |||         |||||||||
Db       5774 CATGCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGC 5832

Qy       2045 AlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSer 2064
                 |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db       5833 CGGATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCA 5877

Qy       2065 GluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSer 2084
                 :::|||||||||         :::|||
Db       5878 ACCCTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA------------------------------ 5907

Qy       2085 IleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuPro 2104
                                                        ||||||   ::::::|||
Db       5908 ------------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCT 5931

Qy       2105 AlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSer 2124
              :::|||                           :::   ||||||
Db       5932 TCTCCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC------------ 5952

Qy       2125 LeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGlu 2144
                                         :::|||            |||||||||
Db       5953 ---------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACC 5985

Qy       2145 GluProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSer 2162
                          |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db       5986 CTGCAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCA 6045

Qy       2163 CysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSer 2182
                    |||      |||   |||                     |||      |||:::
Db       6046 AGATTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAAC 6095

Qy       2183 CysLeu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSer 2198
              |||                  :::||||||         |||      |||||||||
Db       6096 TGTACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG- 6154

Qy       2199 LeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProPro 2218
              |||   |||||||||                  :::|||      :::      ||||||
Db       6155 CTCCGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCG 6214

Qy       2219 SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------Pro 2236
              :::                           |||:::         ||||||      |||
Db       6215 GCG---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCG 6253

Qy       2237 GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSer 2256
              |||      :::   ||||||:::|||      :::         |||
Db       6254 GGCCGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAG 6313

Qy       2257 ProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGly 2276
              |||      :::      ||||||      |||::::::      |||         |||
Db       6314 CCTGCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGG 6373

Qy       2277 Leu 2277
              |||
Db       6374 CTG 6376

RESULT 12
US-10-425-800-3
; Sequence 3, Application US/10425800
; Publication No. US20030180886A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,800
;  CURRENT FILING DATE:  2003-04-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 3
;   LENGTH: 6855
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Homo sapiens
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (192)..(6755)
US-10-425-800-3

Alignment Scores:
Pred. No.:              0             Length:       6855
Score:                  5420.00       Matches:      1228
Percent Similarity:     61.97%        Conservative: 235
Best Local Similarity:  52.01%        Mismatches:   500
Query Match:            45.06%        Indels:       402
DB:                     16            Gaps:         63

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-425-800-3 (1-6855)

Qy         12 ThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSerSerAspPro------------------ 25
              :::||||||         :::|||   |||:::::::::|||
Db        207 TCCCCGCCCTCCTCATCTGCAGCAGCCCCAGCCGCTGAGCCAGGAGTCACCACGGAGCAG 266

Qy         26 ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArgSer 45
              ||||||||||||
Db        267 CCCGGACCCCGG------------------------------------------------ 278

Qy         46 ArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAlaGly 65
                    ||||||   :::|||                  |||      ||||||
Db        279 ------AGCCCCCCATCCTCCCCGCCAGGCCTGGAGGAGCCTCTGGATGGAGCT------ 326

Qy         66 AlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyr 85
                                ||||||                           :::|||:::
Db        327 ------------------GATCCT---------------------------CATGTCCCACAC 344
```

```
Qy          86 ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrp 105
               |||   |||||||||:::   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::|||
Db         345 CCAGACCTGGCGCCTATTGCCTTCTTCTGCCTGCGACAGACCACCAGCCCCCGGAACTGG 404

Qy         106 CysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeu 125
               |||::::::   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         405 TGCATCAAGATGGTGTGCAACCCGTGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTG 464

Qy         126 AsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArg 145
               |||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   |||
Db         465 AACTGCGTGACACTTGGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGC 524

Qy         146 CysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetVal 165
               |||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||
Db         525 TGCAAGATCCTGCAGGTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTG 584

Qy         166 ValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsn 185
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         585 CTCAAGATGGTGGCCCTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAAC 644

Qy         186 ArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsn 205
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db         645 CGCCTGGATTTCTTCATCGTCATGGCAGGGATGGTCGAGTACTCCCTGGACCTTCAGAAC 704

Qy         206 ValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArg 225
               ::::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db         705 ATCAACCTGTCAGCCATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGC 764

Qy         226 ValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsn 245
               ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         765 GTGCCCAGTATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAAT 824

Qy         246 ValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrp 265
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||
Db         825 GTCCTGCTGCTCTGCTTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGG 884

Qy         266 AlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerVal 285
               ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         885 GCGGGCCTGCTGCGTAACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTG 944

Qy         286 AspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGln 305
                  |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db         945 GCCTTGCCCCCATACTACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTG 1004

Qy         306 ProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGly 325
                     :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1005 TCGGGCGACAATGGGATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCGCTCAAGGAGCAG------ 1058

Qy         326 GlyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSer 339
                  |||      |||   |||                  |||:::
Db        1059 ---GGCCGTGAGTGCTGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAG 1115

Qy         340 SerSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAla 357
                     |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||
Db        1116 GACCTCAATGCCAGCGGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACG 1175

Qy         358 GlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIle 377
               |||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1176 GGCAGCGCCAACCCCCACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATT 1235

Qy         378 AlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAsp 397
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||
Db        1236 GTCATCTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGAT 1295

Qy         398 AlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePhe 417
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1296 GCTCACTCCTTCTACAACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAGTGGGCTCCTTCTTC 1355

Qy         418 MetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGlu 437
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1356 ATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGGGAG 1415

Qy         438 SerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSer 457
                  :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||
Db        1416 CACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGC 1472

Qy         458 PheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArg 477
               ::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::|||||||||
Db        1473 TACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTGCGC 1532

Qy         478 LysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeu 497
               ||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1533 AAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTGCAG 1574

Qy         498 SerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSer 517
               |||
Db        1575 AGC--------------------------------------------------------- 1577

Qy         518 HisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                  ||||||   ::::::
Db        1578 ---CGGCGCCAGGCCCTG------------------------------------------ 1592

Qy         538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                                                       ||||||
Db        1593 ------------------------------------GGCCCGGAG--------------- 1601

Qy         558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                          |||   |||:::   |||   |||
Db        1602 ------------------------GCCCCGGCCCCCGCCAAACCTGGGCCC--------- 1628

Qy         578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                                                   ||||||            ||||||
Db        1629 ------------------------------------CACGCCAAG---------GAGCCC 1643

Qy         598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                        |||      |||         |||   :::|||
Db        1644 CGGCACTACCAGCTGTGCCCGCAACATAGCCCCTGGATGCG------------------ 1685

Qy         618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637
                                 |||   ||||||
Db        1686 ------------------ACGCCCCACACC------------------------------ 1697

Qy         638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657
                  ||||||:::            |||   |||   ||||||   |||
Db        1698 ---CTGGTGCAG------------CCCATCCCCGCCACGCTGGCTTCC------------ 1730

Qy         658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCys--- 676
                                                :::      |||         |||
Db        1731 ---------------------------------GATCCCGCCAGCTGCCCTTGCTGCCAG 1757

Qy         677 HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro 696
               |||         :::      |||               |||||||||      |||
Db        1758 CATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCGGGCCAGGAGGGCTCG 1817

Qy         697 AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisVal 716
                  |||                  :::      ||||||   |||:::
Db        1818 GGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAGGCG------------ 1853

Qy         717 MetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAsp 736
                     |||   |||                     ::::::|||         |||:::
Db        1854 ------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGACGGAGCCTCCTCAGAA 1898

Qy         737 LeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSer 756
               |||                        |||                  |||:::   :::
Db        1899 CTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG------------------GCGGATGGGGCG 1940

Qy         757 SerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAsp 774
                     |||            ||||||                  |||   |||||||||
Db        1941 GTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTGCGCGGCATCGTGGAC 2000

Qy         775 SerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGly 794
               ||||||||||||   ||||||||||||:::||||||||||||||||||:::|||||||||
Db        2001 AGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAACACCGTCAGCATGGGC 2060

Qy         795 IleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleVal 814
```

```
          ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   |||||||||   |||:::|||
Db   2061 ATCGAGCACCACGAGCAGCCGGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAGATCTGCAATGTGGTC 2120

Qy    815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
          |||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db   2121 TTCACCAGCATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2180

Qy    835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
          |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db   2181 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2240

Qy    855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
          ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db   2241 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2300

Qy    875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
          ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db   2301 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2360

Qy    895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2361 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 2420

Qy    915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
          ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db   2421 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 2480

Qy    934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2481 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 2540

Qy    954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
          ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db   2541 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 2600

Qy    974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
          :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2601 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 2660

Qy    994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluPro 1013
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::|||   |||:::
Db   2661 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGGTGACGCCAATCGCTCCTACTCGGACGAG 2720

Qy   1014 AspPhePheSerProSerVal-----------------------------AspGlyAsp 1023
          |||      |||   ::::::                              |||
Db   2721 GACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAGCTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGC 2780

Qy   1024 GlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLys 1043
          ||||||   |||      |||      :::   :::      :::      |||
Db   2781 GGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATGACCCCCAATGGGCACCTGGACCCC 2834

Qy   1044 SerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------------AlaAlaThrProMetSer 1059
          ||||||      ||||||      |||               ||||||   |||
Db   2835 AGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCTGCTGGGGCTGCGGACCTGCC--- 2885

Qy   1060 HisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThr 1079
             |||:::   |||                     :::      |||||||||::::::
Db   2886 ---CCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCCCTGGGCTCCCGAAAGAGC 2942

Qy   1080 SerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSer 1099
          |||                     |||         ::::::   :::         |||
Db   2943 AGTGTCATGTCTCTA---------GGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCCCTGTCCAGC 2993

Qy   1100 AlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSer 1119
          :::|||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   ||||||||||||
Db   2994 TCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCC 3053

Qy   1120 SerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArg 1139
          |||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db   3054 AGCTGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCAT 3095

Qy   1140 ArgSerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGlu 1158
             ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::
Db   3096 GAGTCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGAC 3155

Qy   1159 Glu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------------- 1169
          |||         ||||||:::|||      :::   |||
Db   3156 GAGGGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACATTCATCACGGG 3215

Qy   1170 ---------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSer 1181
                                     ||||||   :::|||      :::   :::
Db   3216 CCCCATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGAC 3275

Qy   1182 SerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArg 1201
          |||   ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||
Db   3276 TCGGTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGG 3335

Qy   1202 SerSer------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeu 1219
          ::::::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::
Db   3336 GCGGCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATC 3389

Qy   1220 AlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGlu 1238
          |||:::   :::   |||            :::   |||      :::|||   :::|||
Db   3390 GCCAAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAA 3449

Qy   1239 GlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCys 1258
             :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db   3450 ATCGACTACACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAGATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGG 3509

Qy   1259 CysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPheArgLeu 1278
          |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||::::::|||||||||:::
Db   3510 TGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTCTTCTCTCCCGAGAACAGGTTCCGGGTC 3569

Qy   1279 LeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePhe 1298
          ||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||      ||||||
Db   3570 CTGTGTCAGACCATTATTGCCCACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTT 3629

Qy   1299 LeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArg 1318
          |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||
Db   3630 CTCAACTGCATCACCATCGCCCTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGC 3689

Qy   1319 IlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrVal 1338
          ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::
Db   3690 ATCTTTCTCACCGTGTCCAACTACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTG 3749

Qy   1339 LysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsn 1358
          |||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3750 AAGGTAGTCTCGCTGGGCCTGTACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAAC 3809

Qy   1359 ValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSer 1378
          ||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||
Db   3810 GTGCTGGATGGCTTTCTTGTCTTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCA 3869

Qy   1379 AspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArg 1398
                |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3870 GCCGGGGGAGCCAAGATCTTGGGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGC 3929

Qy   1399 ProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSer 1418
          ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db   3930 CCCCTGCGTGTCATCAGCCGGGCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCC 3989

Qy   1419 SerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGly 1438
          |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3990 TCCCTCAAGCCCATCGGCAACATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGC 4049

Qy   1439 IleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArg 1458
          |||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||
Db   4050 ATCCTGGGAGTGCAGCTCTTCAAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGC 4109

Qy   1459 AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyr 1478
          ||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||||||||
Db   4110 AACATCACCAACCGCTCGGACTGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATAC 4169

Qy   1479 AsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGly 1498
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4170 AACTTCGACAACCTGGGCCAGGCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGT 4229
```

```
Qy          1499 TrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMet 1518
                 ||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||:::
Db          4230 TGGGTGAACATCATGTACAATGGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACC 4289

Qy          1519 AsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePhe 1538
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db          4290 AACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTT 4349

Qy          1539 ValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGln 1558
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4350 GTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAG 4409

Qy          1559 GluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArg 1578
                 |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4410 GAGGCTGAAGAGGCACGGCGGCGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGC 4469

Qy          1579 ArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSer 1598
                 |||                     :::||||||      |||||||||:::   |||
Db          4470 CGG---------------------AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGT 4508

Qy          1599 ArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThr 1618
                       |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db          4509 CACACCCGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACC 4568

Qy          1619 GlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIle 1638
                    :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db          4569 TTCATCATCTGCCTCAACGTGGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCCACGTCC 4628

Qy          1639 LeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSer 1658
                 |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||   |||:::
Db          4629 CTGGAGACAGCCCTCAAGTACTGCAACTATATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTGGAGGCT 4688

Qy          1659 ValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeu 1678
                 |||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||||||||
Db          4689 GTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGTCTGAGGCGCTTCTTCAAGGACCGATGGAACCAGCTG 4748

Qy          1679 AspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsn 1698
                 ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          4749 GACCTGGCCATTGTGCTACTGTCAGTCATGGGCATCACCCTGGAGGAGATCGAGATCAAT 4808

Qy          1699 LeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArg 1718
                    :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          4809 GCGGCCCTGCCCATCAATCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTTCTGCGCATTGCCCGA 4868

Qy          1719 ValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGln 1738
                 ||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||:::|||
Db          4869 GTGCTGAAGCTGTTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACGGTGGTGCAA 4928

Qy          1739 AlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAla 1758
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          4929 GCTTTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTCCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATCTATGCT 4988

Qy          1759 AlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGly 1778
                 ||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||||||||
Db          4989 GCTCTCGGGGTGGAGCTCTTTGGGAAGCTGGTCTGCAACGACGAGAACCCGTGCGAGGGC 5048

Qy          1779 LeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgVal 1798
                 :::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||
Db          5049 ATGAGCCGGCATGCCACCTTCGAGAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACACTCTTCCAGGTC 5108

Qy          1799 SerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys---AspGln 1817
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db          5109 TCCACGGGTGACAACTGGAACGGGATCATGAAGGACACGCTGCGGGACTGCACCCACGAC 5168

Qy          1818 GluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSerPheVal 1835
                 |||   :::|||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||||||||
Db          5169 GAGCGCAGCTGCCTGAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCGCCGCTGTACTTCGTGAGCTTCGTG 5228

Qy          1836 LeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGlu 1855
                 |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||:::
Db          5229 CTCACCGCGCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCTGTGCTCATGAAGCACCTGGAC 5288

Qy          1856 GluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMet 1875
                 :::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::|||||||||||||||||||||
Db          5289 GACAGCAACAAGGAGGCGCAGGAGGACGCCGAGATGGATGCCGAGCTCGAGCTGGAGATG 5348

Qy          1876 ---LysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro--- 1893
                          |||   |||   |||      |||   |||||||||         |||
Db          5349 GCCCATGGCCTGGGCCCTGGCCCGAGGCTGCCTACCGGCTCCCCGGGCGCC---CCTGGC 5405

Qy          1894 ------------GlyValGluGlyValAsnSerThrAsp--------------------- 1902
                             |||      |||         |||:::
Db          5406 CGAGGGCCGGGAGGGGCGGGCGGCGGGGGCGACACCGAGGGCGGCTTGTGCCGGCGCTGC 5465

Qy          1903 ---SerProLysProGlyAlaPro------------HisThrThrAlaHisIleGlyAla 1917
                    ||||||   ||||||   |||                        |||   |||
Db          5466 TACTCGCCTGC-CCAGGAGAACCTGTGGCTGGACAGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTC 5524

Qy          1918 AlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProVal 1937
                       |||         :::|||               |||   :::   |||   :::
Db          5525 CTTGGAGGG---GGAGCTGACCAT---------------CATCGACAACCTGTCGGGCTC 5566

Qy          1938 ProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeu 1957
                    |||   |||   ||||||      |||         ||||||
Db          5567 CATCTTCCACCACTACTCCTCGCCTGCCGGCTGCAAGAAGTGTCA--------------- 5611

Qy          1958 ProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArg 1977
                 |||                                 |||      :::   |||
Db          5612 CCACGACAA---------------------------GCAAGAGGTGCAGCTGGCTGAGAC 5644

Qy          1978 GlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAla 1997
                 |||      ||||||:::   :::         :::               :::|||
Db          5645 GGAGGCCTTCTCCCTGAACTCAGACAGGTCCTCGTCCATCCTGCTGGGTGACGACCTGAG 5704

Qy          1998 AspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGly 2017
                                                                    ||||||
Db          5705 TCTCGAGGA------------------------------------------CCCCACAGC 5722

Qy          2018 AlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProPro------------------------ 2029
                    |||||||||         |||:::
Db          5723 CTGCCCACCTGG---------CCGCAAAGACAGCAAGGGTGAGCTGGACCCACCTGAGCC 5773

Qy          2030 ---------------ProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAla 2044
                                |||||||||      |||         |||||||||
Db          5774 CATGCGTGTGGGAGACCTGGGCGAATGCTTCTTCCCCTTGT-CCTCTACGGCCGTCTCGC 5832

Qy          2045 AlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSer 2064
                    |||:::      |||      |||:::         |||               |||
Db          5833 CGGATCCAGAGAACTTCCTGT---GTGAGATGGAGGAGATCCCAT------------TCA 5877

Qy          2065 GluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSer 2084
                    :::|||||||||         :::|||
Db          5878 ACCCTGTCCGGTCCTGGCTGAAACATGACA------------------------------ 5907

Qy          2085 IleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuPro 2104
                                                           ||||||   ::::::|||
Db          5908 ------------------------------------GCAGTCAAGCACCCCCAAGTCCCT 5931

Qy          2105 AlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSer 2124
                 :::|||                           :::   ||||||
Db          5932 TCTCCC---------------------------CGGATGCCTCCAGCC------------ 5952

Qy          2125 LeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGlu 2144
                                            :::|||            |||||||||
Db          5953 ---------------------------CTCTCCTGCCCATGCCAGCCGAGTTCTTCCACC 5985

Qy          2145 GluProLeuPhePro------ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSer 2162
                             |||      :::      |||:::      ::::::|||
Db          5986 CTGCAGTGTCTGCCAGCCAGAAAGGCCCAGAAAAGGGCACTGGCACTGGAACCCTCCCCA 6045

Qy          2163 CysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSer 2182
                       |||      |||   |||                     |||      |||:::
Db          6046 AGATTGCGCTG-CAGGGCTCCTGGGCATCT---------CTGCGGTCACCAAGGGTCAAC 6095

Qy          2183 CysLeu------------AspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSer 2198
```

```
              |||                  :::||||||         |||      |||||||||
Db        6096 TGTACCCTCCTCCGGCAGGCCACCGGGAGCGACACGTCGCTGGACGCCAGCCCCAGCAG- 6154

Qy        2199 LeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProPro 2218
               |||   |||||||||                  :::|||      :::      ||||||
Db        6155 CTCCGCGGGCAGCCTGCAGACCACGCTCGAGGACAGCCTGACCCTGAGCGACAGCCCCCG 6214

Qy        2219 SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysSer------Pro 2236
               :::                           |||:::         ||||||      |||
Db        6215 GCG---------------------TGCCCTGGGGCCGCCCGCGCCTGCTCCAGGACCCCG 6253

Qy        2237 GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLysAspProSerValSerSer 2256
               |||      :::   ||||||:::|||      :::         |||
Db        6254 GGCCGGCCTGTCCCCCGCCGCTCGCCGCCGCCTGAGCCTGCGCGGCCGGGGCCTCTTCAG 6313

Qy        2257 ProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysLysAspThrLeuSerLeuSerGly 2276
               |||      :::      ||||||      |||::::::      |||         |||
Db        6314 CCTGCGGGGGCTGCGGGCGCATCAGCGCAGCCACAGCAGCGGGGGCTCCACCAGCCCGGG 6373

Qy        2277 Leu 2277
               |||
Db        6374 CTG 6376

RESULT 13
US-09-935-541-12
; Sequence 12, Application US/09935541
; Patent No. US20020150911A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/935,541
;  CURRENT FILING DATE:  2001-08-23
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: 09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 6503
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-09-935-541-12

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:         6503
Score:                  5407.00        Matches:        1234
Percent Similarity:     61.05%         Conservative:   241
Best Local Similarity:  51.08%         Mismatches:     502
Query Match:            44.95%         Indels:         444
DB:                     9              Gaps:           60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-935-541-12 (1-6503)

Qy           3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
               |||         |||   |||:::|||   ||||||      |||   |||
Db          64 CCCCCGGCCCGCCGCCCTGCATGCGCCGTCCCCCTCGCCCCGGGGGCGCA---------- 114

Qy          23 SerAspPro------------ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArg 38
               :::||||||               ||||||      |||||||||   :::   ||||||
Db         115 GCTGATCCCGGAATCCGAGGCGTGGGGCCGGCGGG-GCGCGGGGTCCCTCTCCACGCCGG 173

Qy          39 Met------Glu-ArgAlaProArg------SerArgAspSerProValAla-------- 51
               :::          |||   ||||||      :::||||||   |||   |||
Db         174 CTTCGGGGACACGCGTCAACCCCGCGTCTCTGCCCGGGACGACCCCGCTGCCCGGCCACG 233

Qy          52 -------------------------------------------SerArgSerSerThrTh 57
                                                                ::::::
Db         234 TCCATGCCAAGGGCTCCCTGCTCCACGCTGACATGGCTGACAGCAACTTACCGCCCTCAT 293

Qy          57 rCysProGlyProGly---------------------AlaAlaGlyAla-GlySerThrG 70
                |||      ||||||                     ||||||||||||    |||
Db         294 CTGCAGCAGCCCCGGCCCCTGAGCCGGGAATCACTGAGCAGCCGGGGCCCCGGAGTCCCC 353

Qy          70 luLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGly------------LeuProTyrP 86
                       |||         :::         ||||||            :::|||:::|
Db         354 CTCCATCCCCTCCAGGCCTGGAGGAGCCATTGGAAGGAACCAACCCTGACGTCCCACATC 413

Qy          86 roAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpC 106
               ||   ||||||||||||   ||||||   |||   |||   :::   ||||||:::||||
Db         414 CAGACCTGGCTCCTGTTGCTTTCTTCTGCCTGCGCCAGACCACGAGCCCACGGAACTGGT 473

Qy         106 ysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuA 126
               ||::::::   |||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db         474 GCATCAAGATGGTTTGTAACCCGTGGTTCGAGTGTGTGAGCATGCTGGTTATTCTGCTGA 533

Qy         126 snCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgC 146
               ||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   ||||
Db         534 ACTGTGTGACCCTGGGCATGTACCAGCCATGTGATGACATGGAGTGCCTGTCGGACCGTT 593

Qy         146 ysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValV 166
               ||:::|||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:
Db         594 GCAAGATCCTGCAGGTCTTCGATGACTTCATCTTCATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTGC 653

Qy         166 alLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnA 186
               ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         654 TTAAGATGGTGGCCCTGGGCATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGAGACACATGGAACC 713

Qy         186 rgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnV 206
               ||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||:
Db         714 GCCTGGATTTCTTCATTGTCATGGCAGGGATGGTTGAGTACTCTCTGGACCTACAGAACA 773

Qy         206 alSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgV 226
               :::::   ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||
Db         774 TCAACCTGTCAGCCATCCGCACTGTGCGTGTCCTGAGGCCTCTCAAAGCCATCAACCGTG 833

Qy         226 alProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnV 246
               |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         834 TACCCAGCATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTGCTCGACACGCTGCCCATGCTGGGGAACG 893

Qy         246 alLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpA 266
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db         894 TGCTCCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCATTGGCGTGCAGCTCTGGG 953

Qy         266 laGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValA 286
               |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db         954 CAGGCCTGCTACGGAACCGCTGCTTCCTGGAAGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTGG 1013

Qy         286 spLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnP 306
                 |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db        1014 CCCTGCCCCCTTATTACCAACCAGAGGAGGATGACGAGATGCCCTTTATCTGCTCCCTGA 1073

Qy         306 roArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyG 326
                    :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db        1074 CTGGGGACAATGGCATCATGGGCTGCCACGAGATCCCCCCACTGAAGGAGCAG------- 1126

Qy         326 lyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
                 |||      |||   |||                  |||:::
Db        1127 --GGCCGGGAATGCTGCCTGTCCAAAGATGATGTGTATGACTTCGGGGCGGGGCGCCAGG 1184

Qy         340 erSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaG 358
                    |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||      |
Db        1185 ACCTCAACGCCAGCGGTCTGTGCGTCAACTGGAACCGCTACTACAACGTCTGCCGCACGG 1244

Qy         358 lyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleA 378
               ||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db        1245 GCAACGCCAACCCTCACAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCGGGATTG 1304

Qy         378 laIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspA 398
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||
Db        1305 TGATTTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTATGTGATGGACG 1364

Qy         398 laHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheM 418
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1365 CACATTCTTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTGCTCATCATAGTGGGCTCCTTCTTCA 1424
```

```
Qy         418 etIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluS 438
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1425 TGATCAACTTGTGCCTCGTTGTCATAGCAACCCAGTTCTCTGAGACCAAGCAACGGGAGC 1484

Qy         438 erGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerP 458
                 :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||:
Db        1485 ACCGGCTGATGCTGGAGCAACGCCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGTT 1541

Qy         458 heSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgL 478
               :::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::||||||||||
Db        1542 ACGCTGAGCCCGGTGATTGCTATGAGGAGATCTTCCAATATGTCTGTCACATCCTTCGCA 1601

Qy         478 ysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuS 498
               |||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db        1602 AAGCCAAGCGC------------------CGTGCCCTAGGCCTCTACCAGGCCCTG---- 1639

Qy         498 erSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerH 518
                                                                          :
Db        1640 --------------------------------------------------------CAGA 1643

Qy         518 isArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrH 538
               ::||||||   :::
Db        1644 ACCGGCGCCAGGCC---------------------------------------------- 1657

Qy         538 isLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspA 558
                 :::|||   ||||||
Db        1658 --ATGGGCCCGGGGACA------------------------------------------- 1672

Qy         558 laAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyP 578
                                         |||   |||:::   |||   |||
Db        1673 --------------------------CCAGCCCCTGCCAAGCCTGGGCCC---------- 1696

Qy         578 roProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProV 598
                                                  ||||||            ||||||
Db        1697 -----------------------------------CATGCCAAG---------GAGCCCA 1712

Qy         598 alArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlyS 618
                    |||:::      |||         |||   :::
Db        1713 GCCACTGCAAGCTGTGCCCACGACACAGCCCCCTGGAC---------------------- 1750

Qy         618 erGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysA 638
                             ||||||   ||||||
Db        1751 --------------CCCACTCCCCACACA------------------------------- 1765

Qy         638 laLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProP 658
                 ||||||:::
Db        1766 --CTGGTGCAG------------------------------------------------- 1774

Qy         658 roGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisS 678
                    |||   |||::::::
Db        1775 -----CCCATCTCTGCCATTCTG------------------------------------- 1792

Qy         678 erSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspS 698
                                                           |||      |||   |
Db        1793 --------------------------------------------GCCTCTGACCCCAGCA 1808

Qy         698 erCysProTyrCysAlaArg------------------ThrGlyAlaGlyGluProGluS 712
               ||||||||:::|||                        :::|||   |||      :::|
Db        1809 GCTGCCCTCACTGCCAGCACGAGGCAGGCAGGCGGCCCTCTGGCCTGGGCAGCACTGACT 1868

Qy         712 erAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspA 732
               ||                           |||
Db        1869 CAGGCCAGGAAGGCTCAGGTTCTGGTGGCTCTGCAGAGGCCGAAGCCAATGGGGATGGAC 1928

Qy         732 laGlnHisSerAsp-LeuArgAspProHisSer------ArgArgArgGlnArgSerLeu 749
                 |||   |||::: :::      |||   :::      |||||||||   |||
Db        1929 TCCAGAGCAGTGAGGATGGGGTCTCCTCGGACCTGGGGAAGGAGGAGGAACAGGAGGACG 1988

Qy         750 GlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPhe 769
               |||         :::|||      |||         ||||||
Db        1989 GGG---------CAGCCCGACTGTGTGGG-GATGTGTGGCGCGAGACACGAAAAAAGCTG 2038

Qy         770 ArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsn 789
               |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||
Db        2039 CGGGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACAGAGGTATCATGATGGCTATCCTGGTGAAC 2098

Qy         790 ThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGlu 809
               |||:::|||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db        2099 ACAGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAACAGCCCGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAG 2158

Qy         810 IleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuVal 829
               |||   |||:::||||||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||
Db        2159 ATCTGCAATGTGGTCTTCACCAGTATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAACTGGCCGCC 2218

Qy         830 TyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValVal 849
               :::|||   |||   |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::
Db        2219 TTTGGGCTCTTCGACTACCTGCGGAACCCTTACAACATCTTTGACAGCATCATCGTCATC 2278

Qy         850 IleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPhe 869
               ||||||:::||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||
Db        2279 ATCAGCATCTGGGAAATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCCTGTCTGTGCTGCGCACCTTC 2338

Qy         870 ArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuVal 889
               ||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||
Db        2339 CGGTTGCTGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCATGCCGGCGCTGCGGCGCCAGCTCGTG 2398

Qy         890 ValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIle 909
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2399 GTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTACTCATGCTGTTCATC 2458

Qy         910 PheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp 929
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||
Db        2459 TTCATCTTCAGCATCCTTGGGATGCATATCTTTGGCTGCAAATTCAGCCTCCGCACGGAC 2518

Qy         930 ---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThr 948
                  |||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2519 ACGGGAGACACCGTTCCTGACAGGAAGAACTTCGATTCCTTACTGTGGGCCATCGTCACA 2578

Qy         949 ValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSer 968
               |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db        2579 GTGTTCCAGATCCTCACTCAGGAGGACTGGAACGTTGTCCTGTACAATGGCATGGCCTCC 2638

Qy         969 ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeu 988
               |||:::   ||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        2639 ACCACCCCCTGGGCCTCCCTCTATTTTGTTGCCCTCATGACCTTTGGCAACTACGTTCTC 2698

Qy         989 PheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLys 1008
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::
Db        2699 TTCAATCTCCTGGTGGCTATCCTGGTAGAGGGTTTCCAGGCTGAGGGTGATGCTAATCGT 2758

Qy        1009 SerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGly------------------ 1022
               |||   |||:::   |||      |||   :::::::::
Db        2759 TCCTGCTCTGATGAGGACCAGAGCTCATCCAATTTGGAGGAGTTTGACAAGCTCCCAGAG 2818

Qy        1023 ------AspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
                     |||      |||      :::|||      :::   :::      :::
Db        2819 GGCCTGGACAACAGTAGAGATCTCAAGCTCTGCCCAATACCCATGACACCCAATGGACAC 2878

Qy        1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHis------ThrAlaAlaThrProMet 1058
               |||      ||||||      ||||||      |||         |||   |||
Db        2879 CTGGACCCTAGCCTC------CCTCTGGGTGCGCATCTGGGTCCTGCTGGTACCATGGGT 2932

Qy        1059 SerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArg 1078
               :::   |||:::   |||                     :::         ||||||:::
Db        2933 ACTGCCCCCCGCCTCTCACTGCAGCCAGACCCGGTACTGGTGGCCCTAGACTCTCGGAAA 2992

Qy        1079 ThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProPro 1098
               :::|||                     |||         ::::::   :::
Db        2993 AGCAGTGTCATGTCCCTG---------GGCAGGATGAGCTATGATCAGCGATCCTTGTCC 3043

Qy        1099 SerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArg 1118
               |||:::|||||||||   :::   ||||||      :::   :::|||   |||||||||
Db        3044 AGCTCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCCTGGGGCCGCAGTGGGACCTGGGCTAGCCGCCGC 3103

Qy        1119 SerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGlu 1138
```

```
            ||||||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db     3104 TCCAGCTGGAAC------------------AGCCTGAAACACAAGCCGCCCTCAGCTGAG 3145

Qy     1139 ArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSer------GlnAspGluGluGluSer 1156
                  |||||||||||||||||||||      |||      :::      |||   :::
Db     3146 CATGAGTCCTTACTGTCTGGGGAGGGTGGAGGTAGCTGCGTCAGGGCCTGTGAAGGCGCC 3205

Qy     1157 SerGluGlu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------- 1169
               ||||||         |||   :::|||      :::   |||
Db     3206 CGGGAGGAGGCGCCAACTCGCACCGCACCCCTGCATGCTCCACACGCGCACCACGCGCAC 3265

Qy     1170 ---------------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAla 1179
                                             ||||||   :::|||      :::
Db     3266 CATGGACCCCACCTGGCACACCGTCACCGACACCACCGCCGGACTCTGTCCCTTGATACC 3325

Qy     1180 LysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSer 1199
            :::   |||   ||||||   :::   :::   |||   |||   |||      |||:::
Db     3326 AGGGACTCTGTTGACCTGGGAGAGCTGGTGCCCGTGGTGGGTGCCCACTCACGGGCCGCT 3385

Qy     1200 ------GlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGly 1217
                  |||         |||      |||:::||||||||||||:::      :::
Db     3386 TGGAGGGGGGCGGGTCAGGCCCCTGGGCACGAGGACTGCAATGGCAGAATGCCCAAC--- 3442

Qy     1218 ArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsn 1236
               :::|||:::   :::   |||      |||   :::   |||      :::|||
Db     3443 ---ATAGCCAAGGATGTCTTCACCAAGATGGATGACCGCCGCGACCGCGGGGAGGACGAG 3499

Qy     1237 AspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPro 1256
            :::|||   :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db     3500 GAGGAGATCGACTATACCCTGTGTTTCCGGGTCCGCAAGATGATTGATGTGTACAAGCCG 3559

Qy     1257 AlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPhe 1276
                  |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||:::::::::|||
Db     3560 GACTGGTGCGAAGTCCGCGAGGACTGGTCGGTCTACCTCTTCTCCCCCGAGAACAAGTTC 3619

Qy     1277 ArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIle 1296
            |||:::||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||
Db     3620 CGGATCCTGTGTCAGACCATCATTGCTCACAAGCTTTTTGACTACGTGGTCTTGGCCTTT 3679

Qy     1297 IlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAla 1316
            |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||
Db     3680 ATCTTCCTCAACTGTATCACCATTGCTCTGGAGAGACCCCAGATTGAAGCTGGTAGCACT 3739

Qy     1317 GluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMet 1336
            ||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   ||||||
Db     3740 GAGCGCATCTTCCTCACGGTGTCTAACTACATCTTCACAGCCATCTTCGTGGGCGAGATG 3799

Qy     1337 ThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSer 1356
            |||:::|||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     3800 ACACTGAAGGTGGTTTCTCTGGGCCTGTACTTTGGTGAGCAGGCGTACCTGCGTAGCAGC 3859

Qy     1357 TrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMet 1376
            ||||||||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::
Db     3860 TGGAATGTACTGGATGGTTTCCTGGTCTTTGTGTCCATCATCGATATCGTAGTGTCCGTG 3919

Qy     1377 ValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThr 1396
               |||      |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db     3920 GCCTCTGCTGGGGGAGCCAAGATTCTGGGGGTCCTCCGGGTCCTGCGGCTCCTGCGTACC 3979

Qy     1397 LeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeu 1416
            ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db     3980 TTACGTCCTTTGAGGGTTATCAGCCGGGCCCCTGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACGCTC 4039

Qy     1417 MetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIle 1436
            :::||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db     4040 ATCTCCTCCCTCAAGCCCATTGGGAACATCGTCCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATC 4099

Qy     1437 PheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAsp 1456
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||
Db     4100 TTCGGCATCCTGGGGGTGCAGCTTTTCAAAGGCAAGTTCTACCATTGTTTGGGAGTGGAC 4159

Qy     1457 ThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHis 1476
            ||||||||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||
Db     4160 ACCCGAAACATCACCAACCGATCTGACTGCGTGGCGGCCAACTACCGCTGGGTGCATCAC 4219

Qy     1477 LysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLys 1496
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4220 AAATACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCATTGATGTCCCTCTTTGTCTTGGCCTCCAAG 4279

Qy     1497 AspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPro 1516
            ||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||
Db     4280 GACGGCTGGGTGAACATCATGTATAATGGATTAGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCA 4339

Qy     1517 IleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAla 1536
            :::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::
Db     4340 GTGACGAACCACAACCCCTGGATGCTACTGTACTTCATTTCGTTCCTGCTCATCGTCAGC 4399

Qy     1537 PhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGln 1556
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4400 TTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGCGTGGTCGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAG 4459

Qy     1557 HisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLys 1576
            |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4460 CACCAGGAGGCTGAGGAGGCGCGGAGGCGTGAGGAGAAACGGCTGCGGCGCCTGGAAAAG 4519

Qy     1577 LysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
            |||||||||                     :::||||||      |||||||||:::
Db     4520 AAGCGCCGT---------------------AAGGCTCAGAGGCTGCCCTACTATGCTACC 4558

Qy     1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
            |||         |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||
Db     4559 TACTGTCCCACAAGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTC 4618

Qy     1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
            ||||||   :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db     4619 ATTACCTTCATCATCTGCCTCAATGTTGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAACCAGCCT 4678

Qy     1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
                  |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||
Db     4679 ACATCCCTAGAGACAGCCCTTAAGTACTGCAACTACATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTG 4738

Qy     1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
            |||:::|||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||
Db     4739 GAGGCTGTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGCCTGAGGCGTTTCTTCAAGGACCGATGGAAC 4798

Qy     1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
            ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db     4799 CAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCGTCATGGGCATCACACTGGAGGAGATCGAG 4858

Qy     1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
            :::|||   :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4859 ATCAATGCCGCCCTTCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGCGTGTTCTGCGTATC 4918

Qy     1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
            ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||
Db     4919 GCCCGGGTGTTGAAGCTATTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACAGTG 4978

Qy     1737 MetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIle 1756
            :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     4979 GTACAGGCTCTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTGCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATC 5038

Qy     1757 PheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCys 1776
            :::|||||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||
Db     5039 TATGCTGCTCTGGGAGTGGAGCTCTTCGGAAAGCTGGTCTGCAATGACGAGAACCCGTGT 5098

Qy     1777 GluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPhe 1796
            ||||||:::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     5099 GAGGGCATGAGCCGGCACGCCACCTTTGAAAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACGCTCTTC 5158

Qy     1797 ArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys--- 1815
            :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db     5159 CAGGTCTCCACAGGCGATAACTGGAATGGAATTATGAAGGACACCCTGCGAGACTGTACC 5218

Qy     1816 AspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSer 1833
                  |||   ||||||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||
Db     5219 CATGATGAGCGCACGTGCCTAAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCACCGCTCTACTTTGTGAGC 5278
```

```
Qy       1834 PheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHis 1853
              |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||
Db       5279 TTCGTGCTCACAGCTCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGCCGTGCTGATGAAACAT 5338

Qy       1854 LeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeu 1873
              |||::::::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::||||||:::||||||
Db       5339 CTGGATGACAGCAACAAGGAGGCCCAGGAGGATGCAGAGATGGATGCTGAGATCGAGCTG 5398

Qy       1874 GluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro 1893
              ||||||
Db       5399 GAGATG------------------------------------------------------ 5404

Qy       1894 GlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAla 1913
                       |||:::               |||   ||||||
Db       5405 ---GCCCATGGCCTCGGCCCCTGCCCTGGCCCCTGCCCTGGT------------------ 5443

Qy       1914 HisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGlu 1933
                                                              |||   |||
Db       5444 ------------------------------------------------CCCTGCCCCTGC 5455

Qy       1934 GluValProValPro---LeuGlyProAspLeuLeuThrVal------------------ 1946
                    |||   |||      ||||||   |||   |||
Db       5456 CCCTGCCCCTGCCCCTGTGCTGGCCCGAGGCTGCCCACTAGTTCACCTGGGGCTCCGGGG 5515

Qy       1947 ArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsn 1966
              |||   ||||||   :::                     :::|||::::::||||||:::
Db       5516 CGAGGATCGGGAGGGGCAGGTGCTGGAGGC---GACACCGAGAGTCACCTGTGCCGGCAC 5572

Qy       1967 ---GlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGln 1985
                    |||   |||:::   :::|||            |||
Db       5573 TGCTATTCTCCAGCCCAGGAGACCCTG------------TGG------------CTGGAC 5608

Qy       1986 SerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeu 2005
              |||   |||::::::         |||         :::   :::   |||      |||
Db       5609 AGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATTGACAACCTG 5668

Qy       2006 ProLysAspVal---HisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla------------------ 2018
                       |||   |||:::         |||   |||
Db       5669 TCTGGGTCCGTCTTCCACCACTACGCCTCACCTGACGGCTGTGGCAAGTGTCACCATGAC 5728

Qy       2019 ------------------------ProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProPro 2030
                                            ||||||            |||      |||
Db       5729 AAGCAAGAGACAGGTCTTCATCCATCCTGCTGGGGGATGACCTGAGTCTTGAGGACCCCA 5788

Qy       2031 GlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSer 2050
                    :::      |||   |||      |||         ::::::|||:::
Db       5789 CGGCCTGCCCACAGGGCCCCAAGGAGAGCAAGGGTGAACTAGAGCCTCCGGAGCCCATGC 5848

Qy       2051 LeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu------ValSerGly 2068
                             :::   :::         |||   ||||||         :::|||
Db       5849 AGGCTGGAGACCTGGATGAATGCTTTTGGCCCTTTGCCAAGCGAGCCAGTGTCCACAGGC 5908

Qy       2069 ProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGln 2088
              |||      |||      |||               ||||||   |||||||||
Db       5909 CCAGAGAG-CCTGCTGTGCGAGAT------------GGGGGCCATTCCATTCAACC-CTG 5954

Qy       2089 GlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArg------------------ 2102
                       |||      ::::::   :::||||||   |||
Db       5955 TCCAGTCCTGGCTCAAACACGAGAGCAGCCAAGCACCCCAGAGCCCTTTCTCCCCGGATG 6014

Qy       2103 ---------------------------------------------------LeuProAla 2105
                                                                 |||||||||
Db       6015 GCTCCAGCCCTCTCCTGTAGATGCCTGCTGAGTTCTTCCACCCTGCTGTGTCTGCCAGCC 6074

Qy       2106 ---------------------------------ProCysProGly------LeuGluPro 2112
                                               |||||||||         |||:::
Db       6075 AGAAGGGGCAGGAACCGGGCATGAGTGCAGGAACCCTGCCCAAG-ATTGCACTTCAGGGG 6133

Qy       2113 SerTrpAlaLys---AspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeu 2131
              |||||||||            |||            :::|||               :::
Db       6134 TCCTGGGCATCGCTGAGGTCACCGAGTGTCAACTGCACCCTCTTGCGCCAGGCTACTGTG 6193

Qy       2132 SerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAsp 2151
              |||      |||   |||      |||||||||
Db       6194 AGTGACACGTCCTTGGATGCCAGTCCTAGCAGCTCA------------------------ 6229

Qy       2152 LeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeu 2171

Db       6229 ------------------------------------------------------------ 6229

Qy       2172 AspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArg 2191
                                |||:::      :::      ||||||   :::
Db       6230 ------------GCGGGCAGCCTACAGACCACACTGGAAGACAGTCTGACT--------- 6268

Qy       2192 LeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgPro 2211
              |||      ||||||            |||   |||:::      ||||||      |||
Db       6269 CTGAGTGACAGTCCCCGGCGTGCCCTGGGGCCGCCGGTCCAGGTGCCTGGG------CCA 6322

Qy       2212 LysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArg 2231
              :::      |||||||||   :::   :::      ||||||:::      |||
Db       6323 CGGGCTAGCCTGTCACCGGCCACCCCGGCG------CCGCCTCAGCCTGCGGGGCCGTGG 6376

Qy       2232 ProProCysSerPro-GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSer----------- 2247
              |||      |||    |||:::         :::|||:::   :::|||
Db       6377 CCTGTTTAGTCTGCGTGGGCTGCGGGCCCATCAGCGTAGCCACAGCAGTGGCGGCTCCAC 6436

Qy       2248 ----------------------AspSerLysAspProSer 2253
                                    ||||||   |||||||||
Db       6437 CAGCCCTGGCTGCACTCACCACGACTCCATGGACCCCTCT 6476

RESULT 14
US-10-425-800-12
; Sequence 12, Application US/10425800
; Publication No. US20030180886A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Dietrich, Paul S.
;  APPLICANT:  McGivern, Joseph G.
;  TITLE OF INVENTION: T-TYPE CALCIUM CHANNEL VARIANTS; COMPOSITIONS THEREOF;
;  TITLE OF INVENTION:  AND USES
;  FILE REFERENCE: R0043B-REG sequence listing
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/425,800
;  CURRENT FILING DATE:  2003-04-29
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US/09/404,650
;  PRIOR FILING DATE: 1999-09-23
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
;  SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
; SEQ ID NO 12
;   LENGTH: 6503
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Rattus sp.
US-10-425-800-12

Alignment Scores:
Pred. No.:              0              Length:          6503
Score:                  5407.00        Matches:         1234
Percent Similarity:     61.05%         Conservative:    241
Best Local Similarity:  51.08%         Mismatches:      502
Query Match:            44.95%         Indels:          444
DB:                     16             Gaps:            60

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-10-425-800-12 (1-6503)

Qy          3 ProHisArgValProArgCysValArgThrProProLeuArgGlySerAlaArgProSer 22
              |||         |||   |||:::|||   ||||||      |||   |||
Db         64 CCCCCGGGCCCGCCGCCCTGCATGCGCCGTCCCCCTCGCCCCGGGGGCGCA--------- 114

Qy         23 SerAspPro------------ProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArg 38
              :::||||||               ||||||      |||||||||   :::   ||||||
Db        115 GCTGATCCCGGAATCCGAGGCGTGGGGCCGGCGGG-GCGCGGGTCCCTCTCCACGCCGG 173

Qy         39 Met------Glu-ArgAlaProArg------SerArgAspSerProValAla-------- 51
              :::          |||   ||||||      :::||||||   |||   |||
Db        174 CTTCGGGGACACGCGTCAACCCCGCGTCTCTGCCCGGGACGACCCCGCTGCCCGGCCACG 233

Qy         52 -------------------------------------------SerArgSerSerThrTh 57
```

```
                                                                ::::::
Db        234 TCCATGCCAAGGGCTCCCTGCTCCACGCTGACATGGCTGACAGCAACTTACCGCCCTCAT 293

Qy         57 rCysProGlyProGly---------------------AlaAlaGlyAla-GlySerThrG 70
                |||       |||||                     ||||||||||||    |||
Db        294 CTGCAGCAGCCCCGGCCCCTGAGCCGGGAATCACTGAGCAGCCGGGGCCCCGGAGTCCCC 353

Qy         70 luLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGly------------LeuProTyrP 86
                      |||         :::         ||||||            :::|||:::|
Db        354 CTCCATCCCCTCCAGGCCTGGAGGAGCCATTGGAAGGAACCAACCCTGACGTCCCACATC 413

Qy         86 roAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpC 106
              ||   ||||||||||||   ||||||   |||   |||   :::    |||||:::||||
Db        414 CAGACCTGGCTCCTGTTGCTTTCTTCTGCCTGCGCCAGACCACGAGCCCACGGAACTGGT 473

Qy        106 ysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuA 126
              ||::::::   |||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||
Db        474 GCATCAAGATGGTTTGTAACCCGTGGTTCGAGTGTGTGAGCATGCTGGTTATTCTGCTGA 533

Qy        126 snCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgC 146
              ||||||||||||||||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   ||||
Db        534 ACTGTGTGACCCTGGGCATGTACCAGCCATGTGATGACATGGAGTGCCTGTCGGACCGTT 593

Qy        146 ysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValV 166
              ||:::|||||||||    |||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:
Db        594 GCAAGATCCTGCAGGTCTTCGATGACTTCATCTTCATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTGC 653

Qy        166 alLysMetValAlaLeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnA 186
              ::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        654 TTAAGATGGTGGCCCTGGGCATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGAGACACATGGAACC 713

Qy        186 rgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnV 206
              ||||||||||||||||||||:::||||||||||:::|||||||||||||||||||||||:
Db        714 GCCTGGATTTCTTCATTGTCATGGCAGGGATGGTTGAGTACTCTCTGGACCTACAGAACA 773

Qy        206 alSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgV 226
              :::::   |||||||:::||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||
Db        774 TCAACCTGTCAGCCATCCGCACTGTGCGTGTCCTGAGGCCTCTCAAAGCCATCAACCGTG 833

Qy        226 alProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnV 246
              |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        834 TACCCAGCATGCGGATCCTGGTGAACCTGCTGCTCGACACGCTGCCCATGCTGGGGAACG 893

Qy        246 alLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpA 266
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||
Db        894 TGCTCCTGCTCTGTTTCTTCGTCTTCTTCATCTTCGGCATCATTGGCGTGCAGCTCTGGG 953

Qy        266 laGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValA 286
              |||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||::::::         |||
Db        954 CAGGCCTGCTACGGAACCGCTGCTTCCTGGAAGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTGG 1013

Qy        286 spLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnP 306
                |||   ||||||||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||
Db       1014 CCCTGCCCCCTTATTACCAACCAGAGGAGGATGACGAGATGCCCTTTATCTGCTCCCTGA 1073

Qy        306 roArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyG 326
                   :::||||||:::      |||      :::|||   |||:::   :::
Db       1074 CTGGGGACAATGGCATCATGGGCTGCCACGAGATCCCCCCACTGAAGGAGCAG------- 1126

Qy        326 lyGlyProProCysSerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSerS 340
                |||      |||   |||                  |||:::
Db       1127 --GGCCGGGAATGCTGCCTGTCCAAAGATGATGTGTATGACTTCGGGGCGGGGCGCCAGG 1184

Qy        340 erSerAsnThrThr------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaG 358
                   |||   :::      |||||||||||||||:::||||||      |||      |
Db       1185 ACCTCAACGCCAGCGGTCTGTGCGTCAACTGGAACCGCTACTACAACGTCTGCCGCACGG 1244

Qy        358 lyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleA 378
              ||      ||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db       1245 GCAACGCCAACCCTCACAAGGGCGCCATCAACTTTGACAACATTGGCTATGCCGGGATTG 1304

Qy        378 laIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspA 398
                |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||
```

```
Db       1305 TGATTTTCCAGGTGATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTATGTGATGGACG 1364

Qy        398 laHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheM 418
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1365 CACATTCTTTCTACAACTTCATCTACTTCATTCTGCTCATCATAGTGGGCTCCTTCTTCA 1424

Qy        418 etIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluS 438
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1425 TGATCAACTTGTGCCTCGTTGTCATAGCAACCCAGTTCTCTGAGACCAAGCAACGGGAGC 1484

Qy        438 erGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerP 458
                :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::||||||:
Db       1485 ACCGGCTGATGCTGGAGCAACGCCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCCAGTT 1541

Qy        458 heSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgL 478
              :::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::||||||||||
Db       1542 ACGCTGAGCCCGGTGATTGCTATGAGGAGATCTTCCAATATGTCTGTCACATCCTTCGCA 1601

Qy        478 ysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuS 498
              |||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db       1602 AAGCCAAGCGC------------------CGTGCCCTAGGCCTCTACCAGGCCCTG---- 1639

Qy        498 erSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerH 518
                                                                         :
Db       1640 --------------------------------------------------------CAGA 1643

Qy        518 isArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrH 538
              ::||||||   :::
Db       1644 ACCGGCGCCAGGCC---------------------------------------------- 1657

Qy        538 isLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspA 558
                :::|||   ||||||
Db       1658 --ATGGGCCCGGGGACA------------------------------------------- 1672

Qy        558 laAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyP 578
                                        |||   |||:::   |||   |||
Db       1673 --------------------------CCAGCCCCTGCCAAGCCTGGGCCC---------- 1696

Qy        578 roProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProV 598
                                                 ||||||            ||||||
Db       1697 -----------------------------------CATGCCAAG---------GAGCCCA 1712

Qy        598 alArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlyS 618
                   |||:::      |||         |||   :::
Db       1713 GCCACTGCAAGCTGTGCCCACGACACAGCCCCCTGGAC---------------------- 1750

Qy        618 erGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysA 638
                            ||||||   ||||||
Db       1751 --------------CCCACTCCCCACACA------------------------------- 1765

Qy        638 laLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProP 658
                ||||||:::
Db       1766 --CTGGTGCAG------------------------------------------------- 1774

Qy        658 roGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisS 678
                   |||   |||::::::
Db       1775 -----CCCATCTCTGCCATTCTG------------------------------------- 1792

Qy        678 erSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAspS 698
                                                          |||      |||   |
Db       1793 --------------------------------------------GCCTCTGACCCCAGCA 1808

Qy        698 erCysProTyrCysAlaArg------------------ThrGlyAlaGlyGluProGluS 712
              ||||||||:::|||                        :::|||   |||      :::|
Db       1809 GCTGCCCTCACTGCCAGCACGAGGCAGGCAGGCGGCCCTCTGGCCTGGGCAGCACTGACT 1868

Qy        712 erAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspA 732
              ||                           |||
Db       1869 CAGGCCAGGAAGGCTCAGGTTCTGGTGGCTCTGCAGAGGCCGAAGCCAATGGGGATGGAC 1928

Qy        732 laGlnHisSerAsp-LeuArgAspProHisSer------ArgArgArgGlnArgSerLeu 749
                |||   |||::: :::      |||   :::      |||||||||   |||
Db       1929 TCCAGAGCAGTGAGGATGGGGTCTCCTCGGACCTGGGGAAGGAGGAGGAACAGGAGGACG 1988
```

```
Qy       750 GlyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPhe 769
             |||         :::|||      |||         ||||||
Db      1989 GGG---------CAGCCCGACTGTGTGGG-GATGTGTGGCGCGAGACACGAAAAAGCTG 2038

Qy       770 ArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsn 789
             |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||
Db      2039 CGGGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACAGAGGTATCATGATGGCTATCCTGGTGAAC 2098

Qy       790 ThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGlu 809
             |||:::|||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db      2099 ACAGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAACAGCCCGAGGAGCTGACCAACATCCTGGAG 2158

Qy       810 IleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuVal 829
             |||   |||:::||||||||||||:::|||||||||||||||:::|||||||||
Db      2159 ATCTGCAATGTGGTCTTCACCAGTATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAACTGGCCGCC 2218

Qy       830 TyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValVal 849
             :::|||   |||   |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::
Db      2219 TTTGGGCTCTTCGACTACCTGCGGAACCCTTACAACATCTTTGACAGCATCATCGTCATC 2278

Qy       850 IleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPhe 869
             ||||||:::||||||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||
Db      2279 ATCAGCATCTGGGAAATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGCCTGTCTGTGCTGCGCACCTTC 2338

Qy       870 ArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuVal 889
             ||||||:::||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||
Db      2339 CGGTTGCTGCGGGTGCTGAAGCTGGTGCGCTTCATGCCGGCGCTGCGGCGCCAGCTCGTG 2398

Qy       890 ValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIle 909
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2399 GTGCTCATGAAGACCATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTACTCATGCTGTTCATC 2458

Qy       910 PheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp 929
             |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||
Db      2459 TTCATCTTCAGCATCCTTGGGATGCATATCTTTGGCTGCAAATTCAGCCTCCGCACGGAC 2518

Qy       930 ---GlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThr 948
                |||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2519 ACGGGAGACACCGTTCCTGACAGGAAGAACTTCGATTCCTTACTGTGGGCCATCGTCACA 2578

Qy       949 ValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSer 968
             |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db      2579 GTGTTCCAGATCCTCACTCAGGAGGACTGGAACGTTGTCCTGTACAATGGCATGGCCTCC 2638

Qy       969 ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeu 988
             |||:::   ||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2639 ACCACCCCCTGGGCCTCCCTCTATTTTGTTGCCCTCATGACCTTTGGCAACTACGTTCTC 2698

Qy       989 PheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLys 1008
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   :::
Db      2699 TTCAATCTCCTGGTGGCTATCCTGGTAGAGGGTTTCCAGGCTGAGGGTGATGCTAATCGT 2758

Qy      1009 SerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGly------------------ 1022
             |||   |||:::   |||      |||   :::::::::
Db      2759 TCCTGCTCTGATGAGGACCAGAGCTCATCCAATTTGGAGGAGTTTGACAAGCTCCCAGAG 2818

Qy      1023 ------AspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGlu 1040
                   |||      |||      :::|||      :::   :::      :::
Db      2819 GGCCTGGACAACAGTAGAGATCTCAAGCTCTGCCCAATACCCATGACACCCAATGGACAC 2878

Qy      1041 LeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHis------ThrAlaAlaThrProMet 1058
             |||      ||||||      ||||||      |||         |||   |||
Db      2879 CTGGACCCTAGCCTC------CCTCTGGGTGCGCATCTGGGTCCTGCTGGTACCATGGGT 2932

Qy      1059 SerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArg 1078
             :::   |||:::   |||                     :::         ||||||:::
Db      2933 ACTGCCCCCCGCCTCTCACTGCAGCCAGACCCGGTACTGGTGGCCCTAGACTCTCGGAAA 2992

Qy      1079 ThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProPro 1098
             :::|||                     |||         ::::::   :::
Db      2993 AGCAGTGTCATGTCCCTG---------GGCAGGATGAGCTATGATCAGCGATCCTTGTCC 3043

Qy      1099 SerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArg 1118
             |||:::|||||||||   :::   ||||||      :::   :::|||   |||||||||
Db      3044 AGCTCCCGGAGCTCCTACTACGGGCCCTGGGGCCGCAGTGGGACCTGGGCTAGCCGCCGC 3103

Qy      1119 SerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGlu 1138
             ||||||   |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db      3104 TCCAGCTGGAAC------------------AGCCTGAAACACAAGCCGCCCTCAGCTGAG 3145

Qy      1139 ArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSer------GlnAspGluGluGluSer 1156
                   |||||||||||||||||||||      |||      :::      |||   :::
Db      3146 CATGAGTCCTTACTGTCTGGGGAGGGTGGAGGTAGCTGCGTCAGGGCCTGTGAAGGCGCC 3205

Qy      1157 SerGluGlu------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis--------------- 1169
                ||||||         |||   :::|||      :::   |||
Db      3206 CGGGAGGAGGCGCCAACTCGCACCGCACCCCTGCATGCTCCACACGCGCACCACGCGCAC 3265

Qy      1170 ------------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAla 1179
                                              ||||||   :::|||      :::
Db      3266 CATGGACCCCACCTGGCACACCGTCACCGACACCACCGCCGGACTCTGTCCCTTGATACC 3325

Qy      1180 LysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSer 1199
             :::   |||   ||||||   :::   :::   |||   |||   |||      |||:::
Db      3326 AGGGACTCTGTTGACCTGGGAGAGCTGGTGCCCGTGGTGGGTGCCCACTCACGGGCCGCT 3385

Qy      1200 ------GlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGly 1217
                   |||         |||      |||:::||||||||||||:::      :::
Db      3386 TGGAGGGGGGCGGGTCAGGCCCCTGGGCACGAGGACTGCAATGGCAGAATGCCCAAC--- 3442

Qy      1218 ArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp---AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsn 1236
                :::|||:::   :::   |||      |||   :::   |||      :::|||
Db      3443 ---ATAGCCAAGGATGTCTTCACCAAGATGGATGACCGCCGCGACCGCGGGGAGGACGAG 3499

Qy      1237 AspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuPro 1256
             :::|||   :::   :::         |||::::::      :::            |||
Db      3500 GAGGAGATCGACTATACCCTGTGTTTCCGGGTCCGCAAGATGATTGATGTGTACAAGCCG 3559

Qy      1257 AlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerArgPhe 1276
                   |||      |||:::   ||||||   |||:::|||   |||:::::::::|||
Db      3560 GACTGGTGCGAAGTCCGCGAGGACTGGTCGGTCTACCTCTTCTCCCCCGAGAACAAGTTC 3619

Qy      1277 ArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIle 1296
             |||:::||||||      ||||||   ||||||:::||||||:::|||||||||
Db      3620 CGGATCCTGTGTCAGACCATCATTGCTCACAAGCTTTTTGACTACGTGGTCTTGGCCTTT 3679

Qy      1297 IlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAla 1316
             |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||:::      |||
Db      3680 ATCTTCCTCAACTGTATCACCATTGCTCTGGAGAGACCCCAGATTGAAGCTGGTAGCACT 3739

Qy      1317 GluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMet 1336
             ||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||:::|||:::   ||||||
Db      3740 GAGCGCATCTTCCTCACGGTGTCTAACTACATCTTCACAGCCATCTTCGTGGGCGAGATG 3799

Qy      1337 ThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSer 1356
             |||:::|||||||||:::||||||      ||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3800 ACACTGAAGGTGGTTTCTCTGGGCCTGTACTTTGGTGAGCAGGCGTACCTGCGTAGCAGC 3859

Qy      1357 TrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMet 1376
             ||||||||||||||||||   ||||||   :::|||:::|||||||||:::||||||:::
Db      3860 TGGAATGTACTGGATGGTTTCCTGGTCTTTGTGTCCATCATCGATATCGTAGTGTCCGTG 3919

Qy      1377 ValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThr 1396
                |||      |||   ||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      3920 GCCTCTGCTGGGGGAGCCAAGATTCTGGGGGTCCTCCGGGTCCTGCGGCTCCTGCGTACC 3979

Qy      1397 LeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeu 1416
             ||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||
Db      3980 TTACGTCCTTTGAGGGTTATCAGCCGGGCCCCTGGGCTGAAGCTGGTGGTAGAGACGCTC 4039

Qy      1417 MetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIle 1436
             :::||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db      4040 ATCTCCTCCCTCAAGCCCATTGGGAACATCGTCCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATC 4099

Qy      1437 PheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAsp 1456
```

```
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::   |||   |||   |||
Db        4100 TTCGGCATCCTGGGGGTGCAGCTTTTCAAAGGCAAGTTCTACCATTGTTTGGGAGTGGAC 4159

Qy        1457 ThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHis 1476
               ||||||||||||||||||:::|||||||||      |||:::||||||||||||   |||
Db        4160 ACCCGAAACATCACCAACCGATCTGACTGCGTGGCGGCCAACTACCGCTGGGTGCATCAC 4219

Qy        1477 LysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLys 1496
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4220 AAATACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCATTGATGTCCCTCTTTGTCTTGGCCTCCAAG 4279

Qy        1497 AspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPro 1516
               ||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||   |||||||||||||||
Db        4280 GACGGCTGGGTGAACATCATGTATAATGGATTAGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCA 4339

Qy        1517 IleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAla 1536
               :::   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::
Db        4340 GTGACGAACCACAACCCCTGGATGCTACTGTACTTCATTTCGTTCCTGCTCATCGTCAGC 4399

Qy        1537 PhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGln 1556
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4400 TTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGCGTGGTCGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAG 4459

Qy        1557 HisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLys 1576
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4460 CACCAGGAGGCTGAGGAGGCGCGGAGGCGTGAGGAGAAACGGCTGCGGCGCCTGGAAAAG 4519

Qy        1577 LysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
               |||||||||                     :::||||||      |||||||||:::
Db        4520 AAGCGCCGT---------------------AAGGCTCAGAGGCTGCCCTACTATGCTACC 4558

Qy        1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
               |||         |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||:::|||
Db        4559 TACTGTCCCACAAGGCTGCTCATCCACTCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTC 4618

Qy        1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
               ||||||   :::|||   ||||||||||||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db        4619 ATTACCTTCATCATCTGCCTCAATGTTGTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAACCAGCCT 4678

Qy        1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
                     |||:::   |||||||||   |||||||||:::||||||   :::||||||
Db        4679 ACATCCCTAGAGACAGCCCTTAAGTACTGCAACTACATGTTCACCACTGTCTTTGTGCTG 4738

Qy        1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
               |||:::|||   |||||||||||||||      ||||||||||||:::||||||||||||
Db        4739 GAGGCTGTGCTGAAGCTGGTGGCATTTGGCCTGAGGCGTTTCTTCAAGGACCGATGGAAC 4798

Qy        1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
               ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db        4799 CAGCTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCGTCATGGGCATCACACTGGAGGAGATCGAG 4858

Qy        1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
               :::|||   :::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4859 ATCAATGCCGCCCTTCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGCGTGTTCTGCGTATC 4918

Qy        1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
               ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   ||||||
Db        4919 GCCCGGGTGTTGAAGCTATTGAAGATGGCCACAGGAATGCGGGCCCTGCTGGACACAGTG 4978

Qy        1737 MetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIle 1756
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        4979 GTACAGGCTCTGCCCCAGGTGGGCAACCTGGGCCTGCTCTTCATGCTGCTCTTCTTCATC 5038

Qy        1757 PheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCys 1776
               :::|||||||||||||||||||||||||||   |||   |||::::::   :::||||||
Db        5039 TATGCTGCTCTGGGAGTGGAGCTCTTCGGAAAGCTGGTCTGCAATGACGAGAACCCGTGT 5098

Qy        1777 GluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPhe 1796
               ||||||:::   |||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        5099 GAGGGCATGAGCCGGCACGCCACCTTTGAAAACTTCGGCATGGCCTTCCTCACGCTCTTC 5158

Qy        1797 ArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCys--- 1815
               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||
Db        5159 CAGGTCTCCACAGGCGATAACTGGAATGGAATTATGAAGGACACCCTGCGAGACTGTACC 5218

Qy        1816 AspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal------IleSerProIleTyrPheValSer 1833
                     |||   ||||||   :::::::::      :::||||||:::||||||||||||
Db        5219 CATGATGAGCGCACGTGCCTAAGCAGCCTGCAGTTTGTGTCACCGCTCTACTTTGTGAGC 5278

Qy        1834 PheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHis 1853
               |||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||
Db        5279 TTCGTGCTCACAGCTCAGTTCGTGCTCATCAACGTGGTGGTGGCCGTGCTGATGAAACAT 5338

Qy        1854 LeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeu 1873
               |||::::::|||||||||||||||:::|||:::||||||::::::||||||:::||||||
Db        5339 CTGGATGACAGCAACAAGGAGGCCCAGGAGGATGCAGAGATGGATGCTGAGATCGAGCTG 5398

Qy        1874 GluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpPro 1893
               ||||||
Db        5399 GAGATG------------------------------------------------------ 5404

Qy        1894 GlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAla 1913
                        |||:::               |||   ||||||
Db        5405 ---GCCCATGGCCTCGGCCCCTGCCCTGGCCCCTGCCCTGGT------------------ 5443

Qy        1914 HisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGlu 1933
                                                               |||   |||
Db        5444 ------------------------------------------------CCCTGCCCCTGC 5455

Qy        1934 GluValProValPro---LeuGlyProAspLeuLeuThrVal------------------ 1946
                     |||   |||      ||||||   |||   |||
Db        5456 CCCTGCCCCTGCCCCTGTGCTGGCCCGAGGCTGCCCACTAGTTCACCTGGGGCTCCGGGG 5515

Qy        1947 ArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsn 1966
               |||   ||||||   :::                     :::|||::::::||||||:::
Db        5516 CGAGGATCGGGAGGGGCAGGTGCTGGAGGC---GACACCGAGAGTCACCTGTGCCGGCAC 5572

Qy        1967 ---GlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGln 1985
                     |||   |||:::   :::|||            |||
Db        5573 TGCTATTCTCCAGCCCAGGAGACCCTG------------TGG------------CTGGAC 5608

Qy        1986 SerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeu 2005
               |||   |||::::::         |||         :::   :::   |||      |||
Db        5609 AGCGTCTCTTTAATCATCAAGGACTCCTTGGAGGGGGAGCTGACCATCATTGACAACCTG 5668

Qy        2006 ProLysAspVal---HisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAla------------------ 2018
                        |||   |||:::         |||   |||
Db        5669 TCTGGGTCCGTCTTCCACCACTACGCCTCACCTGACGGCTGTGGCAAGTGTCACCATGAC 5728

Qy        2019 ------------------------ProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProPro 2030
                                             ||||||            |||      |||
Db        5729 AAGCAAGAGACAGGTCTTCATCCATCCTGCTGGGGGATGACCTGAGTCTTGAGGACCCCA 5788

Qy        2031 GlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSer 2050
                     :::      |||   |||      |||         ::::::|||:::
Db        5789 CGGCCTGCCCACAGGGCCCCAAGGAGAGCAAGGGTGAACTAGAGCCTCCGGAGCCCATGC 5848

Qy        2051 LeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGlu------ValSerGly 2068
                              :::   :::         |||   ||||||         :::|||
Db        5849 AGGCTGGAGACCTGGATGAATGCTTTTGGCCCTTTGCCAAGCGAGCCAGTGTCCACAGGC 5908

Qy        2069 ProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGln 2088
               |||      |||      |||               ||||||   |||||||||
Db        5909 CCAGAGAG-CCTGCTGTGCGAGAT------------GGGGGCCATTCCATTCAACC-CTG 5954

Qy        2089 GlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArg------------------ 2102
                        |||      ::::::   :::||||||   |||
Db        5955 TCCAGTCCTGGCTCAAACACGAGAGCAGCCAAGCACCCCAGAGCCCTTTCTCCCCGGATG 6014

Qy        2103 ---------------------------------------------------LeuProAla 2105
                                                                  |||||||||
Db        6015 GCTCCAGCCCTCTCCTGTAGATGCCTGCTGAGTTCTTCCACCCTGCTGTGTCTGCCAGCC 6074

Qy        2106 ---------------------------------ProCysProGly------LeuGluPro 2112
                                                |||||||||         |||:::
Db        6075 AGAAGGGGCAGGAACCGGGCATGAGTGCAGGAACCCTGCCCAAG-ATTGCACTTCAGGGG 6133
```

```
Qy        2113 SerTrpAlaLys---AspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeu 2131
               |||||||||            |||            :::|||               :::
Db        6134 TCCTGGGCATCGCTGAGGTCACCGAGTGTCAACTGCACCCTCTTGCGCCAGGCTACTGTG 6193

Qy        2132 SerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAsp 2151
               |||      |||   |||      |||||||||
Db        6194 AGTGACACGTCCTTGGATGCCAGTCCTAGCAGCTCA------------------------ 6229

Qy        2152 LeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeu 2171

Db        6229 ------------------------------------------------------------ 6229

Qy        2172 AspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArg 2191
                                 |||:::      :::      ||||||   :::
Db        6230 ------------GCGGGCAGCCTACAGACCACACTGGAAGACAGTCTGACT--------- 6268

Qy        2192 LeuCysProSerProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgPro 2211
               |||      ||||||            |||   |||:::      ||||||      |||
Db        6269 CTGAGTGACAGTCCCCGGCGTGCCCTGGGGCCGCCGGTCCAGGTGCCTGGG------CCA 6322

Qy        2212 LysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArg 2231
               :::      |||||||||   :::   :::      ||||||:::      |||
Db        6323 CGGGCTAGCCTGTCACCGGCCACCCCGGCG------CCGCCTCAGCCTGCGGGGCCGTGG 6376

Qy        2232 ProProCysSerPro-GlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSer----------- 2247
               |||      |||    |||:::         :::|||:::   :::|||
Db        6377 CCTGTTTAGTCTGCGTGGGCTGCGGGCCCATCAGCGTAGCCACAGCAGTGGCGGCTCCAC 6436

Qy        2248 ----------------------AspSerLysAspProSer 2253
                                     ||||||   |||||||||
Db        6437 CAGCCCTGGCTGCACTCACCACGACTCCATGGACCCCTCT 6476

RESULT 15
US-09-030-482B-18
; Sequence 18, Application US/09030482B
; Patent No. US20020009772A1
; GENERAL INFORMATION:
;  APPLICANT: Snutch, Terry
;  APPLICANT:  NeuroMed Technologies, Inc.
;  TITLE OF INVENTION: NOVEL HUMAN CALCIUM CHANNELS AND RELATED
;  TITLE OF INVENTION:  PROBES, CELL LINES AND METHODS
;  FILE REFERENCE: 38109-20007.00
;  CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/030,482B
;  CURRENT FILING DATE:  1998-02-25
;  PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/039,204
;  PRIOR FILING DATE: 1997-02-28
;  NUMBER OF SEQ ID NOS: 33
;  SOFTWARE: FastSEQ for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 18
;   LENGTH: 5562
;   TYPE: DNA
;   ORGANISM: Human
;   FEATURE:
;   NAME/KEY: CDS
;   LOCATION: (1)...(5562)
;   OTHER INFORMATION: Human alpha-1 partial sequence from BAC bK206c7
US-09-030-482B-18

Alignment Scores:
Pred. No.:                0              Length:          5562
Score:                    3950.00        Matches:         905
Percent Similarity:       55.52%         Conservative:    167
Best Local Similarity:    46.87%         Mismatches:      353
Query Match:              32.84%         Indels:          506
DB:                       9              Gaps:            45

US-09-611-257A-24 (1-2287) x US-09-030-482B-18 (1-5562)

Qy          59 ProGlyProGly------------------------AlaAlaGlyAlaGlySerThrGlu 70
               ||||||   |||                           |||      ||||||::::::
Db         226 CCTGGAACAGGGATGCACACGGGCACCTTCCAGGAAGGAGCTGAGCCTGGTTCATCTCAG 285

Qy          71 LysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaPro 90
                              |||         |||         |||   |||         |||
Db         286 CACCCTGAGGCACAGGCCACGTATACAGCAGGGTGCACCCCAGCCCCCACGGGCGATCCC 345

Qy          91 ValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrVal 110
                        |||   |||                                       |||
Db         346 ACCTGCTGCTTTGTCCTTGAC---------------------------------TTGGTG 372

Qy         111 CysAsnProTrpPheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeu 130
               |||      |||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         373 TGCACG---TGGTTTGAATGTGTCAGCATGCTGGTGATCCTGCTGAACTGCGTGACACTT 429

Qy         131 GlyMetPheArgProCysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGln 150
               ||||||::::::||||||:::|||:::   |||   |||   ||||||:::|||||||||
Db         430 GGCATGTACCAGCCGTGCGACGACATGGACTGCCTGTCCGACCGCTGCAAGATCCTGCAG 489

Qy         151 AlaPheAspAspPheIlePheAlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAla 170
                  ||||||||||||||||||   |||||||||:::|||||||||:::||||||||||||
Db         490 GTCTTTGATGACTTCATCTTTATCTTCTTTGCCATGGAGATGGTGCTCAAGATGGTGGCC 549

Qy         171 LeuGlyIlePheGlyLysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePhe 190
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         550 CTGGGGATTTTTGGCAAGAAGTGCTACCTCGGGGACACATGGAACCGCCTGGATTTCTTC 609

Qy         191 IleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAla 210
               ||||||:::||||||                           |||::::::   ||||||
Db         610 ATCGTCATGGCAGGC---------------------------AACATCAACCTGTCAGCC 642

Qy         211 ValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArg 230
               :::|||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db         643 ATCCGCACCGTGCGCGTCCTGAGGCCCCTCAAAGCCATCAACCGCGTGCCCAGTATGCGG 702

Qy         231 IleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCys 250
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         703 ATCCTGGTGAACCTGCTCCTGGACACACTGCCCATGCTGGGGAATGTCCTGCTGCTCTGC 762

Qy         251 PhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArg 270
               |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db         763 TTCTTTGTCTTCTTCATCTTTGGCATCATAGGTGTGCAGCTCTGGGCGGGCCTGCTGCGT 822

Qy         271 AsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluProTyr 290
               |||||||||||||||   |||||||||::::::         |||   |||   ||||||
Db         823 AACCGCTGCTTCCTGGAGGAGAACTTCACCATACAAGGGGATGTGGCCTTGCCCCCATAC 882

Qy         291 TyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsnGly 310
               ||||||   |||   :::||||||   |||||||||||||||         :::||||||
Db         883 TACCAGCCGGAGGAGGATGATGAGATGCCCTTCATCTGCTCCCTGTCGGGCGACAATGGG 942

Qy         311 MetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCys 330
               :::      |||      :::|||   |||:::   :::         |||      |||
Db         943 ATAATGGGCTGCCATGAGATCCCCCGCTCAAGGAGCAG----------GGCCGTGAGTGC 993

Qy         331 SerLeu------------------AspTyrGluThrTyrAsnSerSerSerAsnThrThr 344
                  |||                  |||:::                     |||   :::
Db         994 TGCCTGTCCAAGGACGACGTCTACGACTTTGGGGCGGGGCGCCAGGACCTCAATGCCAGC 1053

Qy         345 ------CysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnPro 362
                     |||||||||||||||:::||||||      |||      |||      ||||||
Db        1054 GGCCTCTGTGTCAACTGGAACCGTTACTACAATGTGTGCCGCACGGGCAGCGCCAACCCC 1113

Qy         363 PheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnVal 382
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||
Db        1114 CACAAGGGTGCCATCAACTTTGACAACATCGGTTATGCTTGGATTGTCATCTTCCAGGTG 1173

Qy         383 IleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheTyr 402
               |||||||||||||||||||||:::|||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db        1174 ATCACTCTGGAAGGCTGGGTGGAGATCATGTACTACGTGATGGATGCTCACTCCTTCTAC 1233

Qy         403 AsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIle------------------------------ 412
               ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        1234 AACTTCATCTACTTCATCCTGCTTATCATAAGTGAGCTCATCCACCTCGTCATGCCTGAC 1293

Qy         412 ------------------------------------------------------------ 412
```

```
Db      1294 TGCAGCTTCAGCACAGCACAGTCCCCAAAATGTCAAGGTGATTCACTCCCAGGAGTCGCT 1353

Qy       412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      1354 GCTGAATCCCTGCTGCTGCGAGACTCTAGCTCCTCAGTCATCACTGATGAGGCTGCAGCC 1413

Qy       412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      1414 ATGGAGAACCTCCTGGCGGGCACCTCCAAGGGGGATGAAAGCTATCTGCTCAGGCTGGCC 1473

Qy       412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      1474 GGCAGCCAAGTTCACTCCCAGGCTCAGCAAATGCTGGGGAGGGGGCTGGGCCCTGAAAGC 1533

Qy       412 ------------------------------------------------------------ 412

Db      1534 CTGGAAACTGGAGAGGAGCCCCACTCGTGGAGCCCTCGGGCCACAAGGAGATGGGATCCC 1593

Qy       413 ------------------------------------------------ValGlySerPhe 416
                                                             ||||||||||||
Db      1594 CAATGCCAACCAGGGCAGCCTCTCCCCCTTCATTTCATGCAAGCACAGGTGGGCTCCTTC 1653

Qy       417 PheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArg 436
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1654 TTCATGATCAACCTGTGCCTCGTTGTCATAGCGACCCAGTTCTCGGAGACCAAGCAACGG 1713

Qy       437 GluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAla 456
             |||   :::||||||   |||||||||   |||:::||||||   :::||||||:::|||
Db      1714 GAGCACCGGCTGATGCTGGAGCAGCGGCAGCGCTACCTGTCC---TCCAGCACGGTGGCC 1770

Qy       457 SerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeu 476
             |||::::::|||||||||   ||||||||||||:::   :::|||:::   :::||||||
Db      1771 AGCTACGCCGAGCCTGGCGACTGCTACGAGGAGATCTTCCAGTATGTCTGCCACATCCTG 1830

Qy       477 ArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeu 496
             |||||||||   |||                  ||||||:::|||:::         |||
Db      1831 CGCAAGGCCAAGCGC------------------CGCGCCCTGGGCCTCTACCAGGCCCTG 1872

Qy       497 LeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArg 516
                |||         |||         :::   |||   |||:::
Db      1873 CAGAGCCGGCGCCAGGCCCTGGGCCCGGAGGCCCCGGCCCCCGCC--------------- 1917

Qy       517 SerHisArgArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHis 536

Db      1917 ------------------------------------------------------------ 1917

Qy       537 TyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArg 556

Db      1917 ------------------------------------------------------------ 1917

Qy       557 AspAlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGly 576
                                           |||   |||            |||
Db      1918 ---------------------------AAACCTGGGCCCCACGCCAAGGAGCCCCGGCAC 1950

Qy       577 GlyProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGlu 596
                |||            ||||||:::                  :::|||   |||
Db      1951 TACCCTCTCACAGTCTGGGAATCGATTCTTGGGAGGCAAGCAGAAGAATGCACGCTC--- 2007

Qy       597 ProValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrVal 616
                   |||      |||   |||
Db      2008 ------AGAGCTGCCGCCCACCCG------------------------------------ 2025

Qy       617 GlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAsp 636
                ||||||      :::|||   |||   :::         ||||||:::
Db      2026 TCCTCGGGTGCCAGCCATCCAGGCGTGGGCTCGGAGGAGGCCCCAGAGCTGTGCCCGCAA 2085

Qy       637 LysAlaLeuValGluValAlaPro------------SerProGlyProProThrLeuThr 652
                :::   ::::::      |||               |||   |||   ||||||
Db      2086 CATAGCCCCCTGGATGCGACGCCCCACACCCTGGTGCAGCCCATCCCCGCCACGCTGGCT 2145

Qy       653 SerPheAsnIleProProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSer 672
             |||                                             :::      |||
Db      2146 TCC---------------------------------------------GATCCCGCCAGC 2160

Qy       673 ThrGlyAlaCys---HisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSer 691
                      |||   |||         :::      |||               ||||||
Db      2161 TGCCCTTGCTGCCAGCATGAGGACGGCCGGCGGCCCTCGGGCCTGGGCAGCACCGACTCG 2220

Qy       692 GlyAlaCysGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGlu 711
             |||      |||      |||                  :::      ||||||   |||
Db      2221 GGCCAGGAGGGCTCGGGCTCC------------GGGAGCTCCGCTGGTGGCGAGGACGAG 2268

Qy       712 SerAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAsp 731
             :::                  |||   |||                     ::::::|||
Db      2269 GCG------------------GATGGGGACGGGGCC---------CGGAGCAGCGAGGAC 2301

Qy       732 AlaGlnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyPro 751
                      |||:::|||                        |||
Db      2302 GGAGCCTCCTCAGAACTGGGGAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAG--------------- 2346

Qy       752 AspAlaGluProSerSerValLeuAla------PheTrpArgLeuIleCysAspThrPhe 769
                |||:::   :::      |||            ||||||
Db      2347 ---GCGGATGGGGCGGTCTGGCTGTGCGGGGATGTGTGGCGGGAGACGCGAGCCAAGCTG 2403

Qy       770 ArgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsn 789
             |||   |||||||||||||||||||||   ||||||||||||:::|||||||||||||||
Db      2404 CGCGGCATCGTGGACAGCAAGTACTTCAACCGGGGCATCATGATGGCCATCCTGGTCAAC 2463

Qy       790 ThrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGlu--------------------- 802
             |||:::|||||||||||||||:::|||||||||
Db      2464 ACCGTCAGCATGGGCATCGAGCACCACGAGCAGGCCAGTGCAGCGCAGCCGGGCCGGGCC 2523

Qy       803 ---------------------GluLeuThrAsnAlaLeuGlu------------------ 809
                                  :::|||         |||:::
Db      2524 TGCGGGAGAGGACAAAATCCAGACCTTTGCATGACCCTCAAGGCCCCTTGTCTCTGTCAC 2583

Qy       810 ---------------------------IleSerAsnIleVal------------------ 814
                                        :::|||:::   |||
Db      2584 AACGTCCCTTCACCAGGCCAGGGTGTCCTGTCCCATCCAGTGACTCCACCCCATACAGCC 2643

Qy       814 ------------------------------------------------------------ 814

Db      2644 CCATGGCGCATGGAGACAGGAAAGCAGGGACACGGATGTGAAGAAGGACCAGGACAACGA 2703

Qy       815 PheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGly 834
                :::   :::|||||||||||||||:::|||||||||      :::|||   |||
Db      2704 AGCAGTGACATGTTTGCCCTGGAGATGATCCTGAAGCTGGCTGCATTTGGGCTCTTCGAC 2763

Qy       835 TyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerValTrpGlu 854
             |||::::::|||||||||||||||||||||   :::||||||:::||||||:::||||||
Db      2764 TACCTGCGTAACCCCTACAACATCTTCGACAGCATCATTGTCATCATCAGCATCTGGGAG 2823

Qy       855 IleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMetArgVal 874
             ||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db      2824 ATCGTGGGGCAGGCGGACGGTGGGCTGTCGGTGCTGCGGACCTTCCGGCTGCTGCGCGTG 2883

Qy       875 LeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMetLysThr 894
             ||||||||||||||||||:::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      2884 CTGAAACTGGTGCGCTTCATGCCTGCCCTGCGGCGCCAGCTCGTGGTGCTCATGAAGACC 2943

Qy       895 MetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePheSerIle 914
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      2944 ATGGACAACGTGGCCACCTTCTGCATGCTGCTCATGCTCTTCATCTTCATCTTCAGCATC 3003

Qy       915 LeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAsp---GlyAspThrLeu 933
             ||||||||||||:::|||||||||||||||:::         |||   |||||||||:::
Db      3004 CTTGGGATGCATATTTTTGGCTGCAAGTTCAGCCTCCGCACGGACACTGGAGACACGGTG 3063

Qy       934 ProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeu 953
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3064 CCCGACAGGAAGAACTTCGACTCCCTGCTGTGGGCCATCGTCACTGTGTTCCAGATCCTC 3123

Qy       954 ThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAla 973
             ||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db      3124 ACCCAGGAGGACTGGAACGTCGTTCTCTACAATGGCATGGCCTCCACTTCTCCCTGGGCC 3183
```

```
Qy       974 AlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuVal 993
             :::|||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3184 TCCCTCTACTTTGTCGCCCTCATGACCTTCGGCAACTATGTGCTCTTCAACCTGCTGGTG 3243

Qy       994 AlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGlu------------------------------ 1003
             ||||||||||||||||||||||||||||||
Db      3244 GCCATCCTGGTGGAGGGCTTCCAGGCGGAGGTGACTGTGGTCTTGGCAGAGGAAGCACCC 3303

Qy      1003 ------------------------------------------------------------ 1003

Db      3304 CCACAGGGCCTGCGAAAGACTGGGCGAGGGAGAGGTGGCCTGGATGGGGGAGGGCTGCAA 3363

Qy      1004 ------------------------------------------------------GlyAsp 1005
                                                                   ||||||
Db      3364 TTCAAACTTCTAGCAGGCAACCTATCCCTAAAGGAGGGGGTTGCTGATGAGGTGGGTGAC 3423

Qy      1006 AlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerVal--------------- 1020
             |||   :::|||   |||:::   |||      |||   ::::::
Db      3424 GCCAATCGCTCCTACTCGGACGAGGACCAGAGCTCATCCAACATAGAAGAGTTTGATAAG 3483

Qy      1021 ---------------AspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeu 1035
                            |||      ||||||   |||      |||      :::   :::
Db      3484 CTCCAGGAAGGCCTGGACAGCAGCGGAGATCCCAAG------CTCTGCCCAATCCCCATG 3537

Qy      1036 GlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThr------ 1053
                   :::      |||      ||||||      ||||||      |||
Db      3538 ACCCCCAATGGGCACCTGGACCCCAGTCTC------CCACTGGGTGGGCACCTAGGTCCT 3591

Qy      1054 ------AlaAlaThrPro------------------------------------------ 1057
                   ||||||   |||
Db      3592 GCTGGGGCTGCGGGACCTGCCCCCCGACTCTCACTGCAGCCGGACCCCATGCTGGTGGCC 3651

Qy      1058 MetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGly------------------GluAla 1071
             :::         |||||||||         :::|||                     :::
Db      3652 CTGGGCTCCCGAAAGAGCAGCGTCATGTCTCTAGGGAGGATGAGCTATGACCAGCGCTCC 3711

Qy      1072 LeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAla------------------ 1085
             |||      |||   |||   |||:::         :::|||
Db      3712 CTGGTGGGTGGTCTTAGAGCCACAGCGGGGGTGCAGGCTGCCTTTGGGCACCTGGTGCCC 3771

Qy      1086 GluPro---------------GlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAla 1100
             :::|||               ||||||      :::                  |||:::
Db      3772 CAGCCGTGGGTGTGCCTGTGGGGCGCTGACCCGAACGGAACTCCTTCCAGTCCAGCTCC 3831

Qy      1101 ArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSer 1120
             |||||||||   :::   ||||||      :::::::::|||   |||||||||||||||
Db      3832 CGGAGCTCCTACTACGGGCCATGGGGCCGCAGCGCGGCCTGGGCCAGCCGTCGCTCCAGC 3891

Qy      1121 ArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArg 1140
                |||                  |||||||||   :::   ||||||   |||
Db      3892 TGGAAC------------------AGCCTCAAGCACAAGCCGCCGTCGGCGGAGCATGAG 3933

Qy      1141 SerLeuLeuSerGlyGlu---GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGlu 1159
             ||||||||||||   |||   |||      ::::::      |||   :::::::::|||
Db      3934 TCCCTGCTCTCTGCGGAGCGCGGCGGCGGCGCCCGGGTCTGCGAGGTTGCCGCGGACGAG 3993

Qy      1160 ------AspArgAlaSerProAlaGlySerAspHis------------------------ 1169
                      ||||||:::|||      :::   |||
Db      3994 GGGCCGCCGCGGGCCGCACCCCTGCACACCCCACACGCCCACCACGTTCATCACGGGCCC 4053

Qy      1170 ------------------------ArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSer 1182
                                     ||||||   :::|||      :::   :::   |||
Db      4054 CATCTGGCGCACCGCCACCGCCACCACCGCCGGACGCTGTCCCTCGACAACAGGGACTCG 4113

Qy      1183 PheAspLeuProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSer 1202
                ||||||   :::   :::         |||   |||      |||:::   |||:::
Db      4114 GTGGACCTGGCCGAGCTGGTGCCCGCGGTGGGCGCCCACCCCCGGGCCGCCTGGAGGGCG 4173

Qy      1203 Ser------AlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAla 1220
             :::      |||      |||:::||||||||||||:::      |||      :::|||
Db      4174 GCAGGCCCGGCCCCCGGGCATGAGGACTGCAATGGCAGGATGCCCAGC------ATCGCC 4227

Qy      1221 ArgThrLeuArgThr------AspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAsp--- 1237
             :::   :::   |||         |||            |||:::|||:::   :::
Db      4228 AAAGACGTCTTCACCAAGATGGGCGACCGCGGGGATCGCGGGGAGGATGAGGAGGAAATC 4287

Qy      1238 ------------------------GluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAla 1249
                                     ||||||:::|||:::         |||::::::
Db      4288 GACTACGTGAGTGGGGGCGGGGCCGAAGGGGACCTGACCCTGTGCTTCCGCGTCCGCAAG 4347

Qy      1250 TrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyrIle 1269
                :::            |||      |||      |||:::   ||||||   |||:::
Db      4348 ATGATCGACGTCTATAAGCCCGACTGGTGCGAGGTCCGCGAAGACTGGTCTGTCTACCTC 4407

Qy      1270 PheProProGlnSerArgPheArg------------------LeuLeuCys--------- 1280
             |||   |||::::::|||   |||                  |||   |||
Db      4408 TTCTCTCCCGAGAACAGGCTCAGGGATCTGGGCTGGGTAAGCCTCGAGTGCCAGGGAAAG 4467

Qy      1281 ---------------------------------------------HisArgIleIleThr 1285
                                                                ||||||
Db      4468 GTGGGTGACCTCGTGGTGTGGGTGTATGGTCAGAGGAGGCAGCGCCAGACCATTATTGCC 4527

Qy      1286 HisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAla 1305
             ||||||:::||||||:::|||||||||      |||||||||||||||||||||||||||
Db      4528 CACAAACTCTTCGACTACGTCGTCCTGGCCTTCATCTTTCTCAACTGCATCACCATCGCC 4587

Qy      1306 MetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsn 1325
             :::|||||||||:::|||:::      |||   ||||||||||||||||||:::||||||
Db      4588 CTGGAGCGGCCTCAGATCGAGGCCGGCAGCACCGAACGCATCTTTCTCACCGTGTCCAAC 4647

Qy      1326 TyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrp 1345
             |||||||||||||||:::|||:::   |||||||||:::|||||||||:::||||||
Db      4648 TACATCTTCACGGCCATCTTCGTGGGCGAGATGACATTGAAGGTAGTCTCGCTGGGCCTG 4707

Qy      1346 CysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuVal 1365
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db      4708 TACTTCGGCGAGCAGGCGTACCTACGCAGCAGCTGGAACGTGCTGGATGGCTTTCTTGTC 4767

Qy      1366 LeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeu 1385
                :::|||:::|||||||||:::||||||:::   |||      |||   |||||||||
Db      4768 TTCGTGTCCATCATCGACATCGTGGTGTCCCTGGCCTCAGCCGGGGAGCCAAGATCTTG 4827

Qy      1386 GlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArg 1405
             |||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4828 GGGGTCCTCCGAGTCTTGCGGCTCCTGCGCACCCTACGCCCCCTGCGTGTCATCAGCCGG 4887

Qy      1406 AlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsn 1425
             |||   |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||
Db      4888 GCGCCGGGCCTGAAGCTGGTGGTGGAGACACTCATCTCCTCCCTCAAGCCCATCGGCAAC 4947

Qy      1426 IleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPhe 1445
             ||||||:::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      4948 ATCGTGCTCATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATCTTTGGCATCCTGGGAGTGCAGCTCTTC 5007

Qy      1446 LysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAsp 1465
             ||||||||||||:::   |||   |||   |||||||||||||||||||||:::||||||
Db      5008 AAGGGCAAGTTCTACCACTGTCTGGGCGTGGACACCCGCAACATCACCAACCGCTCGGAC 5067

Qy      1466 CysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGln 1485
             |||      |||:::||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5068 TGCATGGCCGCCAACTACCGCTGGGTCCATCACAAATACAACTTCGACAACCTGGGCCAG 5127

Qy      1486 AlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAsp 1505
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||:::
Db      5128 GCTCTGATGTCCCTCTTTGTCCTGGCATCCAAGGATGGTTGGGTGAACATCATGTACAAT 5187

Qy      1506 GlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeu 1525
             |||||||||||||||   |||||||||||||||:::   |||||||||||||||||||||
Db      5188 GGACTGGATGCTGTTGCTGTGGACCAGCAGCCTGTGACCAACCACAACCCCTGGATGCTG 5247

Qy      1526 LeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGly 1545
             ||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||
Db      5248 CTGTACTTCATCTCCTTCCTGCTCATCGTCAGCTTCTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGT 5307

Qy      1546 ValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArg 1565
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||
Db       5308 GTCGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGCCGGCAGCACCAGGAGGCTGAAGAGGCACGGCGG 5367

Qy       1566 ArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMet 1585
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       5368 CGTGAGGAGAAGCGGCTGCGGCGCCTGGAGAAGAAGCGCCGG------------------ 5409

Qy       1586 AlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHis 1605
                 :::||||||      |||||||||:::   |||         |||||||||:::|||
Db       5410 ---AAGGCCCAGCGGCTGCCCTACTATGCCACCTATTGTCACACCCGGCTGCTCATCCAC 5466

Qy       1606 HisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVal 1625
                 :::|||||||||||||||||||||:::|||||||||   :::|||   |||||||||
Db       5467 TCCATGTGCACCAGCCACTACCTGGACATCTTCATCACCTTCATCATCTGCCTCAACGTG 5526

Qy       1626 ValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
              |||||||||::::::|||||||||   ||||||
Db       5527 GTCACCATGTCCCTGGAGCACTACAATCAGCCC 5559

Search completed: April 28, 2005, 20:02:02
Job time : 2352 secs
```

```
                      GenCore version 5.1.6
             Copyright (c) 1993 - 2005  Compugen Ltd.

OM protein - nucleic search, using frame_plus_p2n model

Run on:          April 28, 2005, 07:20:16 ; Search time 9634 Seconds
                                            (without alignments)
                                            9036.017 Million cell updates/sec

Title:           US-09-611-257A-24
Perfect score:   12028
Sequence:        1 MLPHRVPRCVRTPPLRGSAR..........KKDTLSLSGLSSDPTDMDPZ 2287

Scoring table:   BLOSUM62
                 Xgapop 10.0 , Xgapext  0.5
                 Ygapop 10.0 , Ygapext  0.5
                 Fgapop  6.0 , Fgapext  7.0
                 Delop   6.0 , Delext   7.0

Searched:        34239544 seqs, 19032134700 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters:      68479088

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
                 Maximum Match 100%
                 Listing first 45 summaries

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlh
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09611257/runat_26042005_150449_14906/app_query.fasta_1.2439
-DB=EST -QFMT=fastap -SUFFIX=rst -MINMATCH=0.1 -LOOPCL=0 -LOOPEXT=0
-UNITS=bits -START=1 -END=-1 -MATRIX=blosum62 -TRANS=human40.cdi -LIST=45
-DOCALIGN=200 -THR_SCORE=pct -THR_MAX=100 -THR_MIN=0 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL
-OUTFMT=pto -NORM=ext -HEAPSIZE=500 -MINLEN=0 -MAXLEN=2000000000
-USER=US09611257_@CGN_1_1_6069_@runat_26042005_150449_14906 -NCPU=6 -ICPU=3
-NO_MMAP -LARGEQUERY -NEG_SCORES=0 -WAIT -DSPBLOCK=100 -LONGLOG
-DEV_TIMEOUT=120 -WARN_TIMEOUT=30 -THREADS=1 -XGAPOP=10 -XGAPEXT=0.5 -FGAPOP=6
-FGAPEXT=7 -YGAPOP=10 -YGAPEXT=0.5 -DELOP=6 -DELEXT=7

Database :       EST:*
                 1:  gb_est1:*
                 2:  gb_est2:*
                 3:  gb_htc:*
                 4:  gb_est3:*
                 5:  gb_est4:*
                 6:  gb_est5:*
                 7:  gb_est6:*
                 8:  gb_gss1:*
                 9:  gb_gss2:*

      Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
      score greater than or equal to the score of the result being printed,
      and is derived by analysis of the total score distribution.

                               SUMMARIES
                 %
Result           Query
  No.   Score    Match Length DB  ID                            Description
 ------------------------------------------------------------------------------
     1  1719.5   14.3   6636  3  BC043482                      BC043482 Mus muscu
     2    1698   14.1   6035  3  BC051413                      BC051413 Mus muscu
     3    1406   11.7    990  4  BI905383                      BI905383 603167426
     4  1385.5   11.5    939  4  BI736618                      BI736618 603361089
     5    1343   11.2   1076  4  BM479323                      BM479323 AGENCOURT
     6    1300   10.8   1064  4  BM451648                      BM451648 AGENCOURT
     7  1293.5   10.8   5666  9  AY416501                      AY416501 Mus muscu
     8    1275   10.6    879  7  CF548698                      CF548698 AGENCOURT
     9  1256.5   10.4    793  6  CA319705                      CA319705 UI-M-FW0-
```

```
    10  1230.5   10.2   5943  9  AY416499                      AY416499 Homo sapi
    11    1198   10.0    715  7  CF745071                      CF745071 UI-M-GV0-
    12    1197   10.0    810  5  BU709095                      BU709095 UI-M-EW0-
    13  1195.5    9.9    952  7  CF584866                      CF584866 AGENCOURT
    14  1190.5    9.9   4675  3  AK083220                      AK083220 Mus muscu
    15  1187.5    9.9    771  5  BU058818                      BU058818 UI-M-FR0-
    16    1185    9.9    736  4  BI160856                      BI160856 602864778
    17    1182    9.8    711  5  BM950154                      BM950154 UI-M-EH0p
    18    1172    9.7    777  5  BU708898                      BU708898 UI-M-FI0-
    19  1163.5    9.7    957  4  BG298038                      BG298038 602396253
    20  1162.5    9.7    777  6  CA945335                      CA945335 UI-M-FD0-
    21    1141    9.5    973  2  BF783704                      BF783704 602109506
    22  1140.5    9.5    828  2  BF606929                      BF606929 MY2_00012
    23  1136.5    9.4    784  7  CF742232                      CF742232 UI-M-HB0-
    24    1135    9.4    690  6  CB840838                      CB840838 M15E-1247
    25    1112    9.2   6822  9  AY406058                      AY406058 Mus muscu
    26    1111    9.2   6813  9  AY406056                      AY406056 Homo sapi
    27  1103.5    9.2    845  6  CA327685                      CA327685 UI-M-FY0-
    28  1102.5    9.2    773  4  BI249987                      BI249987 602995228
    29    1096    9.1    676  4  BI917129                      BI917129 603181539
    30  1088.5    9.0    727  5  BQ443110                      BQ443110 UI-M-EV0-
    31    1088    9.0    710  7  CR576255                      CR576255 CR576255
    32  1079.5    9.0    647  6  CB518482                      CB518482 UI-M-GH0-
    33    1075    8.9    667  7  CF531859                      CF531859 UI-M-GH0-
    34  1074.5    8.9    731  7  CN534628                      CN534628 UI-M-HS0-
    35    1067    8.9    707  7  CN216936                      CN216936 RJA002G02
    36  1061.5    8.8    708  5  BQ179746                      BQ179746 UI-M-EW0-
    37    1059    8.8    693  5  BM949227                      BM949227 UI-M-EG0p
    38  1055.5    8.8    803  6  CB245297                      CB245297 UI-M-FY0-
    39    1034    8.6    843  5  BQ180375                      BQ180375 UI-M-EX0-
    40  1032.5    8.6    710  5  BU704267                      BU704267 UI-M-FO0-
    41  1018.5    8.5    684  5  BU262763                      BU262763 603374462
    42    1012    8.4    772  6  CB524438                      CB524438 UI-M-FY0-
    43    1011    8.4    652  2  BB660642                      BB660642 BB660642
    44    1009    8.4    640  6  CB056097                      CB056097 NISC_jj12
    45   997.5    8.3    658  5  BQ109588                      BQ109588 imagegc_7

                                 ALIGNMENTS

RESULT 1
BC043482
LOCUS       BC043482                6636 bp    mRNA    linear   HTC 19-NOV-2003
DEFINITION  Mus musculus calcium channel, voltage-dependent, alpha 1F subunit,
            mRNA (cDNA clone IMAGE:5369391), containing frame-shift errors.
ACCESSION   BC043482
VERSION     BC043482.1  GI:28175783
KEYWORDS    HTC.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6636)
  AUTHORS   Strausberg,R.L., Feingold,E.A., Grouse,L.H., Derge,J.G.,
            Klausner,R.D., Collins,F.S., Wagner,L., Shenmen,C.M., Schuler,G.D.,
            Altschul,S.F., Zeeberg,B., Buetow,K.H., Schaefer,C.F., Bhat,N.K.,
            Hopkins,R.F., Jordan,H., Moore,T., Max,S.I., Wang,J., Hsieh,F.,
            Diatchenko,L., Marusina,K., Farmer,A.A., Rubin,G.M., Hong,L.,
            Stapleton,M., Soares,M.B., Bonaldo,M.F., Casavant,T.L.,
            Scheetz,T.E., Brownstein,M.J., Usdin,T.B., Toshiyuki,S.,
            Carninci,P., Prange,C., Raha,S.S., Loquellano,N.A., Peters,G.J.,
            Abramson,R.D., Mullahy,S.J., Bosak,S.A., McEwan,P.J.,
            McKernan,K.J., Malek,J.A., Gunaratne,P.H., Richards,S.,
            Worley,K.C., Hale,S., Garcia,A.M., Gay,L.J., Hulyk,S.W.,
            Villalon,D.K., Muzny,D.M., Sodergren,E.J., Lu,X., Gibbs,R.A.,
            Fahey,J., Helton,E., Ketteman,M., Madan,A., Rodrigues,S.,
            Sanchez,A., Whiting,M., Madan,A., Young,A.C., Shevchenko,Y.,
            Bouffard,G.G., Blakesley,R.W., Touchman,J.W., Green,E.D.,
            Dickson,M.C., Rodriguez,A.C., Grimwood,J., Schmutz,J., Myers,R.M.,
            Butterfield,Y.S., Krzywinski,M.I., Skalska,U., Smailus,D.E.,
            Schnerch,A., Schein,J.E., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  TITLE     Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
            human and mouse cDNA sequences
```

```
JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
 MEDLINE  22388257
  PUBMED  12477932
REFERENCE 2  (bases 1 to 6636)
 AUTHORS  Strausberg,R.
 TITLE    Direct Submission
 JOURNAL  Submitted (09-JAN-2003) National Institutes of Health, Mammalian
          Gene Collection (MGC), Cancer Genomics Office, National Cancer
          Institute, 31 Center Drive, Room 11A03, Bethesda, MD 20892-2590,
          USA
 REMARK   NIH-MGC Project URL: http://mgc.nci.nih.gov
COMMENT   Contact: MGC help desk
          Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
          Tissue Procurement: The Cepko Laboratory
          cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
          cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
          DNA Sequencing by: Genome Sequence Centre,
          BC Cancer Agency, Vancouver, BC, Canada
          info@bcgsc.bc.ca
          Steven Jones, Jennifer Asano, Ian Bosdet, Yaron Butterfield,
          Susanna Chan, Readman Chiu, Chris Fjell, Erin Garland, Ran Guin,
          Letticia Hsiao, Martin Krzywinski, Reta Kutsche, Oliver Lee, Soo
          Sen Lee, Victor Ling, Carrie Mathewson, Candice McLeavy, Steven
          Ness, Pawan Pandoh, Anna-Liisa Prabhu, Parvaneh Saeedi, Jacqueline
          Schein, Duane Smailus, Michael Smith, Lorraine Spence, Jeff Stott,
          Michael Thorne, Miranada Tsai, Natasja van den Bosch, Jill Vardy,
          George Yang, Scott Zuyderduyn, Marco Marra.

          Clone distribution: MGC clone distribution information can be found
          through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: http://image.llnl.gov
          Series: IRAK Plate: 86 Row: o Column: 1
          This clone was selected for full length sequencing because it
          passed the following selection criteria: matched mRNA gi: 9624972
          This clone has the following problem: frame shifted.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..6636
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5369391"
                     /tissue_type="Eye, retina, mouse strain C57Bl\6"
                     /clone_lib="NIH_MGC_94"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Vector: pCMV-SPORT6"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:               1.32e-107      Length:          6636
Score:                   1719.50        Matches:         658
Percent Similarity:      40.38%         Conservative:    353
Best Local Similarity:   26.28%         Mismatches:      810
Query Match:             14.30%         Indels:          691
DB:                      3              Gaps:            95

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BC043482 (1-6636)

Qy          58 CysProGlyPro------------------------GlyAlaAlaGlyAlaGlySerThr 69
               ||||||||||||                        ||||||:::|||   |||:::
Db          87 TGTCCTGGGCCTCCAACTGTGGGGACTGATACCAGCGGGGCGTCAGGCCTGGGGACCCCA 146

Qy          70 GluLysAspProGlySerAlaAspSerGluAlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAla 89
                  :::                     :::         :::               :::
Db         147 AGAAGAAGGACCCAGCACAACAAACACAAGACTGTGGCGGTGGCCAGTGCTCAGAGATCA 206

Qy          90 ProValValPhePheTyrLeuSerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThr 109
               |||         |||   |||:::      :::      |||      |||:::
Db         207 CCTCGAGCGCTCTTCTGCCTCACCCTTACTAATCCCATTCGTCGGTCCTGCATCAGCATT 266

Qy         110 ValCysAsnProTrp------PheGluArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCys 127
               |||         |||      |||:::   :::   :::|||   |||      ||||||
Db         267 GTA------GAGTGGAAGCCTTTTGATATTCTCATCCTCCTGACAATCTTTGCCAACTGC 320

Qy         128 ValThrLeuGlyMetPheArgProCys---GluAsp------------------------ 138
               |||   ||||||::::::   |||      ||||||
Db         321 GTGGCATTGGGGGTATATATCCCCTTCCCTGAGGACGACTCCAACACTGCTAACCACAAC 380

Qy         139 ------------------------------------------------------IleAla 140
                                                                     |||
Db         381 TTGGTGAGGTCTACCCCATCCCCAACCAGACTGCAGTTCCCTTTAGAGCTACAGATAAAA 440

Qy         141 CysAspSerGlnArg--------------------------------------------- 145
                     ||||||
Db         441 CCACCCAGCCAGACCCCACCCCTCCGGGGCCTACCCTACTTCACTCTTGGTCCTGGCAAA 500

Qy         146 ---------------------------------------------Cys---ArgIle-Le 149
                                                            |||      ||| ::
Db         501 AGCAACCCTAACCTGTGCCTACGACTCACCCACGGGGTCTGACCCTGCCCCGAAATAAAT 560

Qy         149 uGlnAlaPheAsp---------------------------------AspPheIlePhe-- 157
               ::::||||||                                    :::::::::|||
Db         561 CGAGGCCTTCACGCCCCGCCCCCTGCTCCGCCCTCAGGAACAGGTAGAATACGTGTTCCT 620

Qy         158 -AlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGly---IlePheGlyLy 176
                      |||   ||||||   |||:::|||:::||||||   |||   :::
Db         621 GGTGATTTTCACCGTGGAGACAGTGCTCAAGATCGTAGCCTATGGGCTGGTGCTCCATCC 680

Qy         176 sLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGlyMe 196
                      |||:::   :::   ||||||   |||||||||   ||||||:::   |||::
Db         681 CAGCGCCTATATTCGCAATGGCTGGAACCTGCTCGACTTCATCATCGTCGTGGTCGGGCT 740

Qy         196 tLeuGluTyrSerLeuAspLeu-------------------------------------- 203
               :            |||:::
Db         741 GTTCAGCGTGCTGCTGGAACAAGGACCTGGGCGGCCAGGAGATGCCCCGCATACTGGAGG 800

Qy         204 -------GlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuAr 221
                                        |||:::|||      ||||||||||||||||||||
Db         801 AAAGCCAGGAGGCTTCGATGTAAAGGCACTGCGGGCATTTAGGGTGCTACGACCTCTAAG 860

Qy         221 gAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuPr 241
               |   ::::::   |||||||||:::   |||::::::      ::::::      |||
Db         861 GCTAGTGTCTGGGGTCCCGAGTCTGCACATAGTGCTCAATTCCATCATGAAGGCGCTTGT 920

Qy         241 oMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGl 261
                   |||   ::::::   ||||||      ||||||      |||:::   |||:::||
Db         921 GCCGCTGCTGCACATTGCCCTGTTGGTGCTCTTCGTCATTATCATTTACGCCATCATCGG 980

Qy         261 yValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSerLe 281
               |::::::|||:::   |||   :::         |||:::
Db         981 ACTCGAGCTATTCCTCGGACGAATGCACAAGACATGCTACTTC----------------- 1023

Qy         281 uProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPh 301
                   |||      |||:::|||                     ||||||   ||||||
Db        1024 ----CTGGGATCTGATATGGAA---------------GCAGAGGAGGACCCATCACCT-- 1062

Qy         301 eIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuAr 321
                                                    |||   |||
Db        1063 -------------------------------------TGTGCATCT-------------- 1071

Qy         321 gGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSerSe 341
                         |||   |||      |||:::|||:::
Db        1072 -------TCTGGCTCTGGGCGTTCATGCACACTGAAC----------------------- 1101

Qy         341 rAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAs 361
                                              :::|||   |||
Db        1102 -------------------------------CATACCGAGTGCCGCGGGCGCTGGCCAGG 1130

Qy         361 nProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGl 381
                |||      |||      ||||||||||||      :::|||   :::   :::|||||
Db        1131 ACCCAACGGTGGCATCACGAACTTCGACAATTTTTCTTTGCCATGCTAACTGTGTTCCA 1190

Qy         381 nValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPh 401
               |   ||||||:::|||||||||   |||::::::|||::::::   ||||||      ::
Db        1191 GTGTATTACCATGGAAGGCTGGACAGACGTCCTCTACTGGATGCAGGATGCCATGGGGTA 1250

Qy         401 e---TyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAs 420
               :         ::::::||||||:::   |||:::|||   ||||||||||||::::::||
Db   1251 TGAGCTGCCTTGGGTGTACTTTGTGAGCCTTGTCATCTTTGGGTCCTTCTTTGTCCTCAA 1310

Qy    420 nLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLe 440
          ||||   |||   |||::::::   :::||||||:::   :::::::::
Db   1311 CCTTGTGCTTGGAGTCCTAAGCGGGGAGTTCTCCAAGGAAAGAGAAAAGGCAAAAGCACG 1370

Qy    440 uMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGl 460
                    |||::::::|||                                    ||
Db   1371 AGGTGACTTTCAGAAGCTTCGG------------------------------------GA 1394

Qy    460 uProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAl 480
          |               |||:::|||      ||||||   :::|||   :::
Db   1395 GAAGCAGCAGATGGAAGAAGACCTTCGGGGCTACCTGGACTGGATCACACAGGCTGAGGA 1454

Qy    480 aArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerPr 500
                 |||         |||            |||         |||   |||
Db   1455 GTTAGACCTTCATGACCCCTCA------------GTAGACGGCAACTTGGCTTCT----- 1497

Qy    500 oValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArgAr 520
           :::|||      |||:::                                 ||||||||
Db   1498 -CTTGCTGAAGAGGGACGG---------------------------GCGGGCCATCGTAG 1529

Qy    520 gLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGl 540
          |                                                      |||
Db   1530 G---------------------------------------------------CAACTCAA 1538

Qy    540 yAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGl 560
           :::|||         :::|||      ||||||::::::
Db   1539 TTCTGGCCCCGCTTC-ATTCCT------AGCCCTGATGTG-------------------- 1571

Qy    560 ySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProPro-- 579
                    |||:::   |||   ||||||         |||   |||      |||
Db   1572 ----ATTGCCCTCCTGAAACCCAGACCAAGCCTGCAGCCACCCTA-GGCTTTGCCCCAAA 1626

Qy    580 -------ArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPr 597
                 :::|||   ||||||         |||   :::   |||      |||   ||
Db   1627 TCTGGATCAGGGCACAGAATCTCAACCCAGATTCAGATACAAAGACTC-CAACTAGTTCC 1685

Qy    597 oValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGl 617
          |                           ||||||   :::   :::
Db   1686 T---------------------------TGTCCCTTAGATTTGACC-------------- 1704

Qy    617 ySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLy 637
                    :::   |||      |||:::|||
Db   1705 -------CTAATTCTGCCACCAAGCCACTCTTCTCAG----------------------- 1734

Qy    637 sAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePr 657
                 ::::::::::::|||:::   ||||||                  |||
Db   1735 -------TTACAACTATCCCCCACA---GGGCCACAACTGTCAGAGCTGACCAATAGGAG 1784

Qy    657 oProGlyPro---------PheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGl 674
              |||            ||||||      |||            |||   ||||||
Db   1785 GCGCGGACGGCTGCGATGGTTCAGC------CACTCTACTCGCTCCACACACTCCACCAG 1838

Qy    674 yAlaCysHisSerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCy 694
           :::   |||:::|||         |||         |||      |||:::
Db   1839 CAGC---CACGCCAGCCTCCCAGCCAGTGACACTGGCTCCATGACAGACACC-------- 1887

Qy    694 sGlyProAspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAs 714
                                            |||      :::   |||      ||
Db   1888 -------------------------------CCTGGAGATGAGGATGAAGAAGA-GGGGA 1915

Qy    714 pHis------------ValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGl 730
          ||||               :::|||                                 ||
Db   1916 CCATGGCTAGCTGTACACGCTGCCT------------------------------AAACA 1945

Qy    730 nAspAlaGlnHisSerAspLeuArgAspPro-HisSerArgArgArgGlnArgSerLeuG 750
          ||||   ::::::   ||||||      ||| |||   ||||||      |||   |||
Db   1946 AGATTATGAAAACAAGGATCTG------CCGCCACTTCCGCCGAGCCAACCGGGGTCTC- 1998

Qy    750 lyProAspAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheA 770
                                                |||      |||         |
Db   1999 --------------------------------------CGTGCACGCTGC---------C 2011

Qy    770 rgLysIleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnT 790
          ||:::   |||   |||                  :::::::::   :::   :::||||
Db   2012 GCCGGGCCGTCAAGTCCAACGCCTGCTACTGGGCTGTACTGTTGCTCGTCTTCCTCAACA 2071

Qy    790 hrLeuSerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluI 810
          |||||::::::      |||:::|||   ||||||      ||||||         |||
Db   2072 CGTTGACCATAGCTTCAGAGCACCATGGGCAGCCTTTGTGGCTCACCCAGACCCAAGAGT 2131

Qy    810 leSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValT 830
            :::|||   |||         ||||||   :::||||||||||||||||||
Db   2132 ATGCCAACAAAGTTCTGCTCTGCCTCTTCACTGTGGAGATGCTCCTCAAACTGTACGGCC 2191

Qy    830 yrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAsp---------------G 845
            ||||||      |||:::   :::   :::|||   ||||||               |
Db   2192 TGGGCCCCTCTGTCTACGTTGCCTCCTTTTTCAACCGCTTTGACTGCTTCGTGGTCTGTG 2251

Qy    845 lyValIleValValIleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerV 865
          ||   |||:::      ::::::   |||:::         |||      |||:::||||
Db   2252 GGGGCATCCTAGAAACCACTTTGGTGGAGGTGGGGGCCATGCAGCCTCTTGGCATCTCAG 2311

Qy    865 alLeuArgThrPheArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuG 885
          ||||||||      ||||||:::|||:::   |||:::   |||         :::|||
Db   2312 TGCTCCGATGTGTACGTCTCCTCAGGATCTTCAAGGTCACCAGGCACTGGGCATCCCTGA 2371

Qy    885 lnArgGlnLeuValValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuL 905
                  :::      |||:::   :::|||   ::::::|||:::      :::||||
Db   2372 GCAATCTGGTGGCATCTTTGCTCAATTCCATGAAGTCCATCGCCTCCTTGCTGCTTCTCC 2431

Qy    905 euMetLeuPheIlePheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheA 925
          ||   |||||||||   |||||||||:::|||||||||   |||||||||   ||||||
Db   2432 TCTTTCTCTTCATCATCATCTTCTCCCTGCTTGGCATGCAGCTGTTTGGGGGCAAGTTCA 2491

Qy    925 laSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpA 945
               ::::::         |||         |||      ||||||:::         |
Db   2492 ACTTTGACCAG---------ACCCACACCAAGAGGAGCACCTTTGATACCTTCCCCCAAG 2542

Qy    945 laIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnG 965
          ||::::::|||||||||||||||||||||   ||||||||||||   |||:::|||:::|
Db   2543 CCCTCCTCACTGTCTTTCAGATCCTGACTGGTGAGGATTGGAACGTTGTCATGTATGATG 2602

Qy    965 lyMetAlaSer------------------ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleA 979
          ||:::   :::                                    :::|||||||||
Db   2603 GTATCATGGCCTACGGTGGGCCCTTCTTCCCAGGGATGCTGGTGCGTGTTTATTTCATCA 2662

Qy    979 laLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluG 999
            |||         |||||||||:::|||   |||:::   :::||||||   |||:::
Db   2663 TCCTCTTCATCTGTGGCAACTACATCCTGCTGAACGTGTTTCTTGCCATTGCCGTGGATA 2722

Qy    999 lyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProS 1019
                  |||   |||||||||      ::::::
Db   2723 ACCTA---GCCAGCGGGGATGCAGGCACTGCCAAA------------------------- 2754

Qy   1019 erValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisA 1039
                     |||      |||:::|||
Db   2755 -----------GACAAGGGCAGAGAGAAG------------------------------- 2772

Qy   1039 laGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetS 1059
                                                         ::::::      :
Db   2773 -----------------------------------------------AGCAGTGAAGGAA 2785

Qy   1059 erHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgT 1079
          ::   ||||||   :::         |||
Db   2786 ACCCTCCAAAGGAGAACAAAGTATTGGTG------------------------------- 2814

Qy   1079 hrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProS 1099
                                 ||||||      :::   :::   |||
Db   2815 -----------------------CCTGGTGGAGAGAATGAGGACGCAAAG---------G 2842

Qy   1099 erAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgS 1119
            |||||||||
Db   2843 GTGCAAGAAGTGAA---------------------------------------------- 2856
```

```
Qy        1119 erSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluA 1139
                                |||   ||||||   :::
Db        2857 -----------------GGAGCAGCACCAGGCATG------------------------- 2874

Qy        1139 rgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluG 1159
                                   |||   :::|||   ::::::|||||||||      ||||
Db        2875 --------------------GAGGAGGAGGAGGAGGAGGAAGAAGAAGAAGAGGAGGAGG 2914

Qy        1159 luAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluA 1179
               ||:::      :::   ||||||            |||         |||:::
Db        2915 AGGAAGAGGAAAATGGTGCAGGA------------CATGTGGAACTCTTGCAGGAAGTA- 2961

Qy        1179 laLysSerSerPheAspLeuProAspThrLeuGlnVal-ProGlyLeuHisArgThrAla 1198
                                :::|||            ||| |||   |||
Db        2962 -----------------GTACCCAAGGAGAAGGTGGTACCCATCCCTGAAGGCAGTGCCT 3004

Qy        1199 SerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCys-AsnGlyLysSerAlaSerGlyAr 1218
               |||      :::   |||         ::::::|||          |||   :::|||::
Db        3005 TCTTCT---GCCTTAGCCAAACCAACCCGTGAGTGTTGGGAATGCCAGTAGGGCAGGGCA 3061

Qy        1218 gLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGl 1238
               :   |||   :::   ||||||            :::
Db        3062 ACAGGCGGGGAGCCCTAGAACTACCCAGGAGGCAGTG----------------------- 3098

Qy        1238 uGlyAsnLeuSerLysGlyGluArg-IleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaC 1258
                               |||   ||| :::      |||:::      :::   |||
Db        3099 ----------------GGCCACAGATGTATCCCCTTGGATCTCCCAGAAAACACCAATCC 3142

Qy        1258 ysCysArgGluArgAspSerTrpSerAlaTyr-IlePheProProGlnSerArgPheArg 1277
                                      |||   :::    |||   |||      |||   |||
Db        3143 TGGTT------------------TCTACTCACTGCCTTTTCTCCACTCCCCAGGCTTCGG 3184

Qy        1278 LeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIle 1297
                     ||||||   :::|||   |||   :::|||      ::::::||||||   |||
Db        3185 AAGGCCTGCCACACACTCATACATCACCATATCTTCACCAGTCTCATCCTAGTGTTCATC 3244

Qy        1298 PheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGlu 1317
                  |||:::   :::::::::|||   |||   |||   |||      ||||||
Db        3245 ATCCTCAGTAGTGTGTCCCTGGCTGCTGAGGACCCC---ATCCGAGCTCACTCCTTCCGA 3301

Qy        1318 ArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThr 1337
                        |||         :::|||   ||||||::::::|||      |||:::
Db        3302 AACCATATTCTGGGATATTTTGATTATGCCTTCACCTCCATATTCACTGTGGAGATTCTA 3361

Qy        1338 ValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrp 1357
               :::|||:::         |||                  ::::::   ||||||   :::
Db        3362 CTCAAGATGACAGTGTTTGGGGCCTTCCTGCACCGAGGCTCTTTCTGCCGTAGCTGGTTC 3421

Qy        1358 AsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetVal 1377
               |||:::||||||   |||:::|||   :::|||:::|||         :::
Db        3422 AATCTGTTGGATCTCCTTGTGGTCAGTGTGTCCCTCATCTCCTTCGGCATCCAC------ 3475

Qy        1378 SerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeu 1397
                           :::      :::   ::::::::::::||||||:::||||||   |||
Db        3476 ------------TCCAGTGCCATCTCAGTTGTGAAGATTCTCCGAGTCCTCCGAGTCCTG 3523

Qy        1398 ArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMet 1417
               ||||||||||||   |||:::||||||:::|||||||||   ||||||:::   :::
Db        3524 CGGCCTCTCCGAGCCATCAACAGAGCCAAGGGACTCAAGCATGTGGTGCAGTGTGTGTTC 3583

Qy        1418 SerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePhe 1437
                  :::::::::   ||||||||||||:::::::::                  :::|||
Db        3584 GTGGCCATCCGGACCATCGGAAACATCATGATTGTCACCACCCTCTTGCAGTTCATGTTC 3643

Qy        1438 GlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThr 1457
                     :::|||||||||||||||||||||||||||:::   |||      |||
Db        3644 GCCTGCATTGGTGTTCAGCTGTTCAAGGGAAAATTCTACAGTTGCACTGATGAGGCCAAA 3703

Qy        1458 ArgAsnIleThrAsn---------------------------LysSerAspCysAlaGlu 1468
                     :::                                       |||   :::
Db        3704 CACACCCTGAAAGAATGCAAGGGCTCCTTCCTCATCTACCCTGATGGAGATGTGTCACGA 3763

Qy        1469 AlaSerTyrArg---------TrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGln 1485
                        |||         ||||||         :::||||||||||||:::
Db        3764 CCTTTGGTCCGGGAGCGGCTCTGGGTCAACAGTGATTTTAACTTTGACAACGTCCTTTCA 3823

Qy        1486 AlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAsp 1505
               |||:::|||:::||||||   :::::::::   :::||||||      ::::::|||
Db        3824 GCCATGATGGCCCTGTTCACTGTCTCTACCTTTGAAGGCTGGCCTGCGCTACTATACAAG 3883

Qy        1506 GlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeu 1525
                  :::||||||         |||:::   ||||||   |||::::::      :::
Db        3884 GCCATAGATGCAAACGCAGAAGATGAGGGCCCTATCTACAATTACCATGTGGAGATATCA 3943

Qy        1526 LeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGly 1545
               ::::::||||||   :::::::::|||:::|||||||||::::::|||:::|||||||||
Db        3944 GTATTCTTCATTGTCTACATCATCATCATCGCCTTCTTCATGATGAACATCTTTGTGGGC 4003

Qy        1546 ValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArg 1565
                  |||:::      |||            :::   |||   |||:::|||   :::
Db        4004 TTTGTTATCATCACATTC------------CGTGCCCAGGGAGAGCAGGAGTACCAAAAC 4051

Qy        1566 ArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMet 1585
                  |||                  |||:::|||   :::|||         :::
Db        4052 TGTGAA------------------CTGGACAAGAACCAGCGCCAGTGTGTGGAATATGCC 4093

Qy        1586 AlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHis 1605
                  :::||||||            |||         :::      :::      |||
Db        4094 CTCAAAGCTCAGCCACTCCGCCGATACATCCCTAAGAATCCTCATCAGTACCGCGTGTGG 4153

Qy        1606 HisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnVal 1625
                           |||         :::      :::      :::|||   ||||||
Db        4154 GCCACTGTGAACTCTGCTGCCTTTGAGTACCTCATGTTTCTGCTCATCCTGCTCAACACG 4213

Qy        1626 ValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIle 1645
               |||   :::||||||:::||||||:::|||            :::   |||:::   |||
Db        4214 GTGGCCCTAGCCATGCAGCACTATGAACAGACTGCTCCCTTTAACTATGCCATGGACATC 4273

Qy        1646 CysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPhe 1665
                  |||   :::||||||   :::|||      |||   |||   |||::::::||||||
Db        4274 CTCAACATGGTCTTCACTGGCCTCTTCACCATTGAGATGGTGCTCAAAATCATCGCCTTT 4333

Qy        1666 AlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeu 1685
                     :::   :::|||   |||   ||||||      |||      ||||||:::
Db        4334 AAACCCAAGCATTACTTTGCAGATGCCTGGAATACGTTTGATGCTCTCATTGTAGTGGGC 4393

Qy        1686 SerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIle------------------------GluVal 1697
               |||::::::   |||   :::   |||:::
Db        4394 AGTGTAGTCGACATCGCCGTCACAGAAGTCAATAACGGAGGCCATCTTGGCGAGAGTTCA 4453

Qy        1698 AsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAla 1717
                     |||      |||:::   |||      |||:::   ||||||:::|||:::
Db        4454 GAGGACAGCTCCCGCATATCTATCACGTTCTTTCGCCTCTTCCGAGTCATGAGGCTG--- 4510

Qy        1718 ArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMet 1737
                     :::|||||||||            |||:::|||   ||||||   |||   :::
Db        4511 ------GTCAAGCTTCTGAGTAAGGGTGAGGGGATCCGCACACTGCTCTGGACATTCATC 4564

Qy        1738 ---------GlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhe 1754
                        ||||||||||||   |||            ||||||      ::::::|||
Db        4565 AAGTCTTTCCAGGCCTTGCCCTATGTG---------GCACTTCTCATAGCAATGATATTC 4615

Qy        1755 PheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCys---AspGluThr 1773
               ||||||:::|||   :::|||:::::::::||||||   :::         |||   |||
Db        4616 TTCATCTATGCAGTCATTGGCATGCAGATGTTTGGCAAGGTGGCTCTTCAGGACGGCACG 4675

Qy        1774 HisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeu 1793
                              :::   |||:::      |||:::   |||      |||   |||
Db        4676 CAG------------ATAAATCGAAACAACAATTTCCAGACCTTTCCGCAGGCTGTGCTG 4723

Qy        1794 ThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMet------LysAspPro 1811
                  |||||||||   :::||||||:::   |||      ||||||            |||
Db        4724 CTTCTGTTCAGGTGTGCCACTGGTGAGGCCTGGCAAGAGATAATGCTAGCCAGCCTTCCA 4783

Qy        1812 SerArgAspCysAspGlnGluSer------------------------ThrCysTyrAsn 1823
                        ||||||   ||||||                        ||||||
Db    4784 GGAAATCGATGTGACCCTGAGTCTGACTTTGGCCCAGGCGAGGAATTTACCTGT---GGT 4840

Qy    1824 ThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuVal 1843
           :::      :::   :::||||||:::||||||   :::         |||:::::::::
Db    4841 AGCAGTTTTGCCATCGTCTACTTCATCAGCTTCTTTATGCTCTGTGCCTTCCTGATTATA 4900

Qy    1844 AsnValValIleAlaValLeuMet------------------------------------ 1851
           |||:::   :::||||||:::|||
Db    4901 AATCTCTTTGTGGCTGTAATCATGGATAACTTTGATTACCTAACCAGAGATTGGTCTATC 4960

Qy    1852 ---------LysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAlaGluLeuGlu 1868
                       ||||||:::|||      |||            |||   :::
Db    4961 CTGGGACCCCACCACCTTGATGAATTC---AAGAGGATCTGGTCTGAATATGACCCCGGA 5017

Qy    1869 AlaGluLeuGluLeuGlu---------------------MetLysThrLeuSerProGln 1881
           |||:::      ::::::                     ::::::   :::   |||
Db    5018 GCCAAGGGCCGCATCAAGCACTTGGATGTGGTTGCCCTGCTGAGACGCATCCAGCCCCCA 5077

Qy    1882 ---------------------ProHisSer------------------------------ 1884
                                ||||||
Db    5078 TTGGGATTTGGAAAGCTATGCCCACACCGAGTGGCCTGCAAGAGACTCGTGGCAATGAAT 5137

Qy    1885 ---ProLeuGlySerProPhe------------------------LeuTrpProGlyVal 1895
              ||||||   |||   :::                        |||   ||||||
Db    5138 GTGCCCCTCAACTCAGA-TGGAACAGTGACATTCAACGCTACACTCTTTGCCCTGGTGCG 5196

Qy    1896 GluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIle 1915
           :::               |||      :::||||||:::            |||
Db    5197 GACATCCCTGAAGATCAAGACAGAAGGGAACCTGGATCAAGCCAACCAGGAGCTTCGGAT 5256

Qy    1916 GlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetVal------ProHisProGlu 1933
           |||                     :::         :::|||         ||||||
Db    5257 GGTCATCAAAAAGATCTGGAAGCGGATAAAGCAGAAATTGTTGGATGAGGTCATCCCTCC 5316

Qy    1934 ---------------------------------------GluValProValPro---Leu 1939
                                                     :::|||   |||   |||
Db    5317 TCCCGATGAGGAGGAGGTCACTGTGGGAAAATTCTATGCCACATTCCTGATCCAAGATTA 5376

Qy    1940 GlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsn 1959
              |||   :::            :::   |||   :::|||            ||||||
Db    5377 TTTCCGAAAATTCCGGAGAAGGAAAGAAAAGGGGCTACTAGGAAGAGAGGC---CCCAAC 5433

Qy    1960 AspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSer------------------ 1973
                    :::|||      |||   :::   |||   :::
Db    5434 AAGCACATCCTCTGCCCTCCAGGCTGGTCTAAGGAGCCTGCAGGACTTGGGTCCTGAGAT 5493

Qy    1974 ------------------------LeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGln 1985
                                      |||   ||||||   |||
Db    5494 CCGTCAAGCCCTCACCTATGACACTGAGGAAGAAGAGGAAGAGGAAGAGGCAGTGGGTCA 5553

Qy    1986 SerGly------------------------------SerIleLeuSerValHisSerGln 1995
              |||                              :::|||      :::|||
Db    5554 GGAGGCTGAGGAAGAGGAAGCTGAGAACAACCCAGAACCATACAAAGACTCCATAGACTC 5613

Qy    1996 ProAla---------------------AspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAsp 2008
           ||||||                     |||      |||:::      |||   ::::::
Db    5614 CCAGCCCCAATCTCGATGGAACTCTAGGATTT-CGGTGTCTCTACCTGTTAAGGAGAAAC 5672

Qy    2009 ValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuPro 2028
                    |||   |||                     |||            ||||||
Db    5673 TTCCAGATTCTCTCTCAACTGGGCCGAGTGATGATGATGGGC---------TGGCTCCCA 5723

Qy    2029 ProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThr 2048
              ||||||   ||||||:::      |||
Db    5724 ACTCCAGGC---AGCCCAGTGTGATACAGGCTGGCTCCCAACCACACA------------ 5768

Qy    2049 AspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGly 2068
                                                           |||      |||
Db    5769 ---------------------------------------------GGAGAAGCTCTGGGG 5783

Qy    2069 ProSerCysProLeuThrArg---------------SerSerSerPheTrpGlyGlySer 2083
              ||||||   |||:::|||               ||||||            |||
Db    5784 TTTTCATGTTCACTATCCCGGAAGAAGGAAGTATTCAGCTCAAGGGAACTCAAGGGCAGG 5843

Qy    2084 SerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeu 2103
           :::|||:::::::::   |||      :::         ::::::         |||
Db    5844 ACAATCAGAATGAGGAACAGGAAGTCCCTGACTGGACTCCTGACCTGGATGAGCAGG--- 5900

Qy    2104 ProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSer 2123
                       |||||||||                              |||:::|||
Db    5901 ------------CCGGGACTC------------------------CTTCGAACCCAGTCC 5924

Qy    2124 SerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGln 2143
                    |||                  ::::::|||      :::|||      :::
Db    5925 TTTTACCACCTCACTGG-TCCCAGCAACACGTAAACGGGCACCATGTGCCACGCCGACGT 5983

Qy    2144 GluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCys 2163
                 |||      |||         |||      ::::::::::::         |||
Db    5984 TTGCTGCCCCCCACGCCTGCAGGTCGGAAGCCCTCCTTCACCATCCAG---------TGT 6034

Qy    2164 ArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAlaValSerCys 2183
              :::|||   |||                                       ||||||
Db    6035 CTGCAACGCCAGGGC---------------------------------------AGTTGT 6055

Qy    2184 LeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerLeu------------ 2199
              |||      :::   ||||||      ||||||   :::   |||
Db    6056 GAAGATTT----ACCTATCCCAGGCACCTACCATCGTGGACGGACCTCAGGACCAAGCAG 6111

Qy    2200 GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysLeuSerProPro--- 2218
           |||         ||||||   |||   |||               :::   ||||||
Db    6112 GGCTCAGGGTTCCTGGGCAGCCCCTCCTCAGAAGGGTCGACTGCTATATGCCCCCCTGTT 6171

Qy    2218 ------------------------------------------------------------ 2218

Db    6172 GTTGGTGGAGGAATCTACAGTGGGTGAAGGATACCTTGGCAAACTTGGCGGCCCACTGCG 6231

Qy    2219 ------SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProPro--------- 2233
                    :::|||               |||      |||:::||||||
Db    6232 TACCTTCACCTGTCTGCAAGTGCCTGGAGCTCATCCGAATCCCAGCCACCGCAAGAGGGG 6291

Qy    2234 ---Cys------SerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProAlaSerAspSerLys 2250
              |||            |||   |||         |||   |||   |||
Db    6292 CAGTGCTGACAGTTTGGTGGAGGCTGTGCTCATCTCCGAAGGCCTAGGTCTCTTTGCCCA 6351

Qy    2251 AspProSerValSerSerPro---------LeuAspSerThrAlaAlaSerProSerPro 2267
              |||::::::      |||            |||            ||||||   |||
Db    6352 AGACCCACGATTTGTGGCCCTGGCCAAGCAGGAGATTGCAGATGCATGTCACCTGACCCT 6411

RESULT 2
BC051413
LOCUS       BC051413                 6035 bp    mRNA    linear   HTC 19-NOV-2003
DEFINITION  Mus musculus calcium channel, voltage-dependent, alpha 1F subunit,
            mRNA (cDNA clone IMAGE:6493332), containing frame-shift errors.
ACCESSION   BC051413
VERSION     BC051413.1  GI:30802106
KEYWORDS    HTC.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 6035)
  AUTHORS   Strausberg,R.L., Feingold,E.A., Grouse,L.H., Derge,J.G.,
            Klausner,R.D., Collins,F.S., Wagner,L., Shenmen,C.M., Schuler,G.D.,
            Altschul,S.F., Zeeberg,B., Buetow,K.H., Schaefer,C.F., Bhat,N.K.,
            Hopkins,R.F., Jordan,H., Moore,T., Max,S.I., Wang,J., Hsieh,F.,
            Diatchenko,L., Marusina,K., Farmer,A.A., Rubin,G.M., Hong,L.,
            Stapleton,M., Soares,M.B., Bonaldo,M.F., Casavant,T.L.,
            Scheetz,T.E., Brownstein,M.J., Usdin,T.B., Toshiyuki,S.,
            Carninci,P., Prange,C., Raha,S.S., Loquellano,N.A., Peters,G.J.,
            Abramson,R.D., Mullahy,S.J., Bosak,S.A., McEwan,P.J.,
            McKernan,K.J., Malek,J.A., Gunaratne,P.H., Richards,S.,
            Worley,K.C., Hale,S., Garcia,A.M., Gay,L.J., Hulyk,S.W.,
            Villalon,D.K., Muzny,D.M., Sodergren,E.J., Lu,X., Gibbs,R.A.,
            Fahey,J., Helton,E., Ketteman,M., Madan,A., Rodrigues,S.,
            Sanchez,A., Whiting,M., Madan,A., Young,A.C., Shevchenko,Y.,
            Bouffard,G.G., Blakesley,R.W., Touchman,J.W., Green,E.D.,
            Dickson,M.C., Rodriguez,A.C., Grimwood,J., Schmutz,J., Myers,R.M.,
            Butterfield,Y.S., Krzywinski,M.I., Skalska,U., Smailus,D.E.,
            Schnerch,A., Schein,J.E., Jones,S.J. and Marra,M.A.
  TITLE     Generation and initial analysis of more than 15,000 full-length
            human and mouse cDNA sequences
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 99 (26), 16899-16903 (2002)
   MEDLINE  22388257
   PUBMED   12477932
REFERENCE   2  (bases 1 to 6035)
  AUTHORS   Strausberg,R.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (25-APR-2003) National Institutes of Health, Mammalian
            Gene Collection (MGC), Cancer Genomics Office, National Cancer
            Institute, 31 Center Drive, Room 11A03, Bethesda, MD 20892-2590,
            USA
  REMARK    NIH-MGC Project URL: http://mgc.nci.nih.gov
COMMENT     Contact: MGC help desk
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: The Cepko Laboratory
            cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
            cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
            DNA Sequencing by: National Institutes of Health Intramural
            Sequencing Center (NISC),
            Gaithersburg, Maryland;
            Web site: http://www.nisc.nih.gov/
            Contact: nisc_mgc@nhgri.nih.gov
            Akhter,N., Ayele,K., Beckstrom-Sternberg,S.M., Benjamin,B.,
            Blakesley,R.W., Bouffard,G.G., Breen,K., Brinkley,C., Brooks,S.,
            Dietrich,N.L., Granite,S., Guan,X., Gupta,J., Haghighi,P.,
            Hansen,N., Ho,S.-L., Karlins,E., Kwong,P., Laric,P., Legaspi,R.,
            Maduro,Q.L., Masiello,C., Maskeri,B., Mastrian,S.D.,McCloskey,J.C.,
            McDowell,J., Pearson,R., Stantripop,S., Thomas,P.J., Touchman,J.W.,
            Tsurgeon,C., Vogt,J.L., Walker,M.A., Wetherby,K.D., Wiggins,L.,
            Young,A., Zhang,L.-H. and Green,E.D.

            Clone distribution: MGC clone distribution information can be found
            through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: http://image.llnl.gov
            Series: IRAK Plate: 108 Row: o Column: 13
            This clone was selected for full length sequencing because it
            passed the following selection criteria: matched mRNA gi: 9624972
            This clone has the following problem: frame shifted.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .6035
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6493332"
                     /tissue_type="Eye, retina, mouse strain C57Bl\6"
                     /clone_lib="NIH_MGC_94"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Vector: pCMV-SPORT6"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              3.53e-106       Length:         6035
Score:                  1698.00         Matches:        615
Percent Similarity:     38.96%          Conservative:   338
Best Local Similarity:  25.14%          Mismatches:     767
Query Match:            14.12%          Indels:         730
DB:                     3               Gaps:           83

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BC051413 (1-6035)

Qy          37 ArgArgMetGluArgAlaProArgSerArgAsp---SerProValAlaSerArgSerSer 55
               |||||||||      :::         :::|||   :::|||      |||   ::::::
Db          12 AGGAGGATGTCGGAATCTGAAGTCGGGAAAGATACAACCCCAGAGCCCAGTCCAGCCAAT 71

Qy          56 ThrThr------------------------CysProGlyPro------------------ 61
                  |||                        ||||||||||||
Db          72 GGGACTGGCCCTGGCCCTGAATGGGGGCTCTGTCCTGGGCCTCCAACTGTGGGGACTGAT 131

Qy          62 ------GlyAlaAlaGlyAlaGlySerThrGluLysAspProGlySerAlaAspSerGlu 79
                     ||||||:::|||   |||:::      :::                     :::
Db         132 ACCAGCGGGGCGTCAGGCCTGGGACCCCAAGAAGAAGGACCCAGCACAACAAACACAAG 191

Qy          80 AlaGluGlyLeuProTyrProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeuSerGlnAsp 99
                        :::               :::|||         |||   |||:::
Db         192 ACTGTGGCGGTGGCCAGTGCTCAGAGATCACCTCGAGCGCTCTTCTGCCTCACCCTTACT 251

Qy         100 SerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrp------PheGluArg 117
               :::      |||      |||:::      |||         |||      |||:::
Db         252 AATCCCATTCGTCGGTCCTGCATCAGCATTGTA------GAGTGGAAGCCTTTTGATATT 305

Qy         118 ValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCysGlu 137
               :::   :::|||   |||      |||||||||   ||||||::::::   |||
Db         306 CTCATCCTCCTGACAATCTTTGCCAACTGCGTGGCATTGGGGGTATATATCCCCTTCCCT 365

Qy         138 AspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIlePhe 157
               :::         ::::::            :::   |||         :::::::::|||
Db         366 GAGGACGACTCCAACACTGCTAACCACAACTTGGAACAGGTA------GAATACGTGTTC 419

Qy         158 ---AlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGly---IlePheGly 175
                        |||   ||||||   |||:::|||:::||||||   |||   :::
Db         420 CTGGTGATTTTCACCGTGGAGACAGTGCTCAAGATCGTAGCCTATGGGCTGGTGCTCCAT 479

Qy         176 LysLysCysTyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePheIleValIleAlaGly 195
                        |||:::   :::   ||||||   |||||||||   ||||||:::   |||
Db         480 CCCAGCGCCTATATTCGCAATGGCTGGAACCTGCTCGACTTCATCATCGTCGTGGTCGGG 539

Qy         196 MetLeuGluTyrSerLeuAspLeu------------------------------------ 203
               :::            |||:::
Db         540 CTGTTCAGCGTGCTGCTGGAACAAGGACCTGGGCGGCCAGGAGATGCCCCGCATACTGGA 599

Qy         204 ---------GlnAsnValSerPheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeu 220
                                          |||:::|||      ||||||||||||||||||
Db         600 GGAAAGCCAGGAGGCTTCGATGTAAAGGCACTGCGGGCATTTAGGGTGCTACGACCTCTA 659

Qy         221 ArgAlaIleAsnArgValProSerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeu 240
               |||   ::::::   |||||||||:::   |||::::::      ::::::      |||
Db         660 AGGCTAGTGTCTGGGGTCCCGAGTCTGCACATAGTGCTCAATTCCATCATGAAGGCGCTT 719

Qy         241 ProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleVal 260
                     |||   ::::::   ||||||      ||||||      |||:::   |||:::
Db         720 GTGCCGCTGCTGCACATTGCCCTGTTGGTGCTCTTCGTCATTATCATTTACGCCATCATC 779

Qy         261 GlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArgAsnArgCysPheLeuProGluAsnPheSer 280
               |||::::::|||:::   |||   :::         |||:::
Db         780 GGACTCGAGCTATTCCTCGGACGAATGCACAAGACATGCTACTTC--------------- 824

Qy         281 LeuProLeuSerValAspLeuGluProTyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerPro 300
                     |||      |||:::|||                     ||||||   ||||||
Db         825 ------CTGGGATCTGATATGGAA---------------GCAGAGGAGGACCCATCACCT 863

Qy         301 PheIleCysSerGlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeu 320
                                                      |||   |||
Db         864 ---------------------------------------TGTGCATCT------------ 872

Qy         321 ArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSerSer 340
                           |||   |||      |||:::|||:::
Db         873 ---------TCTGGCTCTGGGCGTTCATGCACACTGAAC--------------------- 902

Qy         341 SerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHis 360
                                                :::|||   |||
Db         903 ---------------------------------CATACCGAGTGCCGCGGGCGCTGGCCA 929

Qy         361 AsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePhe 380
                  |||      |||      ||||||||||||      :::|||   :::   :::|||
Db         930 GGACCCAACGGTGGCATCACGAACTTCGACAATTTTTCTTTGCCATGCTAACTGTGTTC 989

Qy         381 GlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSer 400
               |||   ||||||:::|||||||||   |||::::::|||::::::   ||||||
Db         990 CAGTGTATTACCATGGAAGGCTGGACAGACGTCCTCTACTGGATGCAGGATGCCATGGGG 1049

Qy         401 Phe---TyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIle 419
               :::         ::::::||||||:::   |||:::|||   ||||||||||||::::::
Db        1050 TATGAGCTGCCTTGGGTGTACTTTGTGAGCCTTGTCATCTTTGGGTCCTTCTTTGTCCTC 1109
```

```
Qy        420 AsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGln 439
              ||||||   |||   |||::::::   :::||||||:::   :::::::::
Db       1110 AACCTTGTGCTTGGAGTCCTAAGCGGGGAGTTCTCCAAGGAAAGAGAAAAGGCAAAAGCA 1169

Qy        440 LeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSer 459
                          |||::::::|||
Db       1170 CGAGGTGACTTTCAGAAGCTTCGG------------------------------------ 1193

Qy        460 GluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAla 479
              |||               |||:::|||      ||||||   :::|||   :::
Db       1194 GAGAAGCAGCAGATGGAAGAAGACCTTCGGGGCTACCTGGACTGGATCACACAGGCTGAG 1253

Qy        480 AlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSer--- 498
                       |||         |||            |||         |||   |||
Db       1254 GAGTTAGACCTTCATGACCCCTCA------------GTAGACGGCAACTTGGCTTCTCTT 1301

Qy        499 SerProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHis 518
              :::         |||:::|||      ||||||   |||            |||
Db       1302 GCTGAAGAAGGACGGGCGGGCCATCGGCCACAACTGTCAGAGCTGACCAATAGGAGGCGC 1361

Qy        519 ArgArgLeuSer---ValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyr 537
                 ||||||            |||               |||            |||
Db       1362 GGACGGCTGCGATGGTTCAGCCACTCTACTCGCTCCACACACTCCACCAGCAGCCACGCC 1421

Qy        538 HisLeuGlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAsp 557
                 |||
Db       1422 AGCCTC------------------------------------------------------ 1427

Qy        558 AlaAsnGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGly 577
                                               |||::::::   |||   |||
Db       1428 ---------------------------------CCAGCCAGTGACACTGGCTCCATGACA 1454

Qy        578 ProProArgGlyAlaGluSerValHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluPro 597
                       |||   |||                     |||   |||
Db       1455 GACACCCCTGGAGATGAGGATGAAGAAGAGGGGACCATGGCTAGCTGT------------ 1502

Qy        598 ValArgCysGlnAlaProProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGly 617
                 ||||||
Db       1503 ACACGCTGC--------------------------------------------------- 1511

Qy        618 SerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLys 637

Db       1511 ------------------------------------------------------------ 1511

Qy        638 AlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIlePro 657

Db       1511 ------------------------------------------------------------ 1511

Qy        658 ProGlyProPheSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHis 677
                                ::::::|||:::::::::|||:::
Db       1512 ------------------CTAAACAAGATTATGAAAACAAGG------------------ 1535

Qy        678 SerSerCysLysIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyProAsp 697
                    |||:::
Db       1536 ---ATCTGCCGC------------------------------------------------ 1544

Qy        698 SerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAlaAspHisValMet 717

Db       1544 ------------------------------------------------------------ 1544

Qy        718 ProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGlnHisSerAspLeu 737

Db       1544 ------------------------------------------------------------ 1544

Qy        738 ArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAlaGluProSerSer 757
                       |||   ||||||      |||   |||
Db       1545 ---------CACTTCCGCCGAGCCAACCGGGGTCTC------------------------ 1571

Qy        758 ValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLysIleValAspSerLysTyr 777
                             |||      |||         |||:::   |||   |||
Db       1572 ---------------CGTGCACGCTGC---------CGCCGGGCCGTCAAGTCCAACGCC 1607

Qy        778 PheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeuSerMetGlyIleGluTyr 797
                          :::::::::   :::   :::|||||||||::::::      |||:::
Db       1608 TGCTACTGGGCTGTACTGTTGCTCGTCTTCCTCAACACGTTGACCATAGCTTCAGAGCAC 1667

Qy        798 HisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAsnIleValPheThrSer 817
              |||   ||||||      ||||||         |||   :::|||   |||
Db       1668 CATGGGCAGCCTTTGTGGCTCACCCAGACCCAAGAGTATGCCAACAAAGTTCTGCTCTGC 1727

Qy        818 LeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyProPheGlyTyrIleLys 837
              ||||||   :::||||||||||||||||||         ||||||      |||:::
Db       1728 CTCTTCACTGTGGAGATGCTCCTCAAACTGTACGGCCTGGGCCCCTCTGTCTACGTTGCC 1787

Qy        838 AsnProTyrAsnIlePheAsp---------------GlyValIleValValIleSerVal 852
              :::   :::|||   ||||||               |||   |||:::      ::::::
Db       1788 TCCTTTTTCAACCGCTTTGACTGCTTCGTGGTCTGTGGGGGCATCCTAGAAACCACTTTG 1847

Qy        853 TrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMet 872
                 |||:::         |||      |||:::||||||||||||      ||||||:::
Db       1848 GTGGAGGTGGGGGCCATGCAGCCTCTTGGCATCTCAGTGCTCCGATGTGTACGTCTCCTC 1907

Qy        873 ArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMet 892
              |||:::   |||:::   |||         :::|||         :::      |||:::
Db       1908 AGGATCTTCAAGGTCACCAGGCACTGGGCATCCCTGAGCAATCTGGTGGCATCTTTGCTC 1967

Qy        893 LysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePhe 912
                 :::|||   ::::::|||:::      :::||||||   |||||||||   ||||||
Db       1968 AATTCCATGAAGTCCATCGCCTCCTTGCTGCTTCTCCTCTTTCTCTTCATCATCATCTTC 2027

Qy        913 SerIleLeuGlyMetHisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThr 932
              |||:::|||||||||   |||||||||   ||||||      ::::::         |||
Db       2028 TCCCTGCTTGGCATGCAGCTGTTTGGGGGCAAGTTCAACTTTGACCAG---------ACC 2078

Qy        933 LeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIle 952
                       |||      ||||||:::         |||::::::|||||||||||||||
Db       2079 CACACCAAGAGGAGCACCTTTGATACCTTCCCCCAAGCCCTCCTCACTGTCTTTCAGATC 2138

Qy        953 LeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSer------------ 968
              ||||||   ||||||||||||   |||:::|||:::|||:::   :::
Db       2139 CTGACTGGTGAGGATTGGAACGTTGTCATGTATGATGGTATCATGGCCTACGGTGGGCCC 2198

Qy        969 ------ThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyr 986
                                      :::|||||||||   |||         |||||||||
Db       2199 TTCTTCCCAGGGATGCTGGTGTGTGTTTATTTCATCATCCTCTTCATCTGTGGCAACTAC 2258

Qy        987 ValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAla 1006
              :::|||   |||:::   :::||||||   |||:::         |||   |||||||||
Db       2259 ATCCTGCTGAACGTGTTTCTTGCCATTGCCGTGGATAACCTA---GCCAGCGGGATGCA 2315

Qy       1007 ThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspGlyAspGlyAspArg 1026
                    ::::::                                    |||      |||
Db       2316 GGCACTGCCAAA------------------------------------GACAAGGGCAGA 2339

Qy       1027 LysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeu 1046
              :::|||
Db       2340 GAGAAG------------------------------------------------------ 2345

Qy       1047 ProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThr 1066
                                      ::::::      :::   ||||||   :::
Db       2346 ------------------------AGCAGTGAAGGAAACCCTCCAAAGGAGAACAAAGTA 2381

Qy       1067 GlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGlu 1086
                 |||
Db       2382 TTGGTG------------------------------------------------------ 2387

Qy       1087 ProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHisSer 1106
              ||||||      :::   :::   |||            |||||||||
Db       2388 CCTGGTGGAGAGAATGAGGACGCAAAG---------GGTGCAAGAAGTGAA--------- 2429

Qy       1107 ProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArg 1126
                                                                    |||
Db       2430 ------------------------------------------------------GGAGCA 2435

Qy       1127 AlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSerGlyGlu 1146
```

```
              ||||||  .:::                                             |||
Db       2436 GCACCAGGCATG---------------------------------------------GAG 2450

Qy       1147 GlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGly 1166
                 :::|||   ::::::|||||||||      ||||||:::      :::   ||||||
Db       2451 GAGGAGGAGGAGGAGGAAGAAGAAGAAGAGGAGGAGGAGGAAGAGGAAAATGGTGCAGGA 2510

Qy       1167 SerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSerPheAspLeuPro 1186
                          |||         |||:::                        :::|||
Db       2511 ------------CATGTGGAACTCTTGCAGGAAGTAGTACCCAAGGAGAAGGTGGTACCC 2558

Qy       1187 AspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGlu 1206
                          :::|||
Db       2559 ------------ATCCCT------------------------------------------ 2564

Qy       1207 HisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAsp 1226

Db       2564 ------------------------------------------------------------ 2564

Qy       1227 AspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArg 1246
                                               ||||||
Db       2565 ---------------------------------GAAGGC--------------------- 2570

Qy       1247 IleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGluArgAspSerTrpSer 1266
                                                                       |||
Db       2571 ---------------------------------------------------------AGT 2573

Qy       1267 AlaTyrIlePheProProGlnSerArg---PheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThr 1285
              |||:::            |||:::         |||      ||||||   :::|||
Db       2574 GCCTTCTTCTGCCTTAGCCAAACCAACCCGCTTCGGAAGGCCTGCCACACACTCATACAT 2633

Qy       1286 HisLysMetPheAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAla 1305
              |||   :::|||      ::::::||||||   |||   |||:::   :::::::::|||
Db       2634 CACCATATCTTCACCAGTCTCATCCTAGTGTTCATCATCCTCAGTAGTGTGTCCCTGGCT 2693

Qy       1306 MetGluArgProLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsn 1325
                 |||   |||   |||      ||||||               |||         :::
Db       2694 GCTGAGGACCCC---ATCCGAGCTCACTCCTTCCGAAACCATATTCTGGATATTTTGAT 2750

Qy       1326 TyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrp 1345
              |||   ||||||::::::|||      |||:::   :::|||:::         |||
Db       2751 TATGCCTTCACCTCCATATTCACTGTGGAGATTCTACTCAAGATGACAGTGTTTGGGGCC 2810

Qy       1346 CysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuVal 1365
                             ::::::   ||||||   :::|||:::||||||   |||:::|||
Db       2811 TTCCTGCACCGAGGCTCTTTCTGCCGTAGCTGGTTCAATCTGTTGGATCTCCTTGTGGTC 2870

Qy       1366 LeuIleSerValIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeu 1385
                 :::|||:::|||         :::                     :::      :::
Db       2871 AGTGTGTCCCTCATCTCCTTCGGCATCCAC------------------TCCAGTGCCATC 2912

Qy       1386 GlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArg 1405
                 ::::::::::::||||||:::||||||   |||||||||||||||   |||:::|||
Db       2913 TCAGTTGTGAAGATTCTCCGAGTCCTCCGAGTCCTGCGGCCTCTCCGAGCCATCAACAGA 2972

Qy       1406 AlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsn 1425
              |||:::|||||||||   ||||||:::   :::      :::::::::   |||||||||
Db       2973 GCCAAGGGACTCAAGCATGTGGTGCAGTGTGTGTTCGTGGCCATCCGGACCATCGGAAAC 3032

Qy       1426 IleValValIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPhe 1445
              |||:::::::::                  :::|||      :::|||||||||||||||
Db       3033 ATCATGATTGTCACCACCCTCTTGCAGTTCATGTTCGCCTGCATTGGTGTTCAGCTGTTC 3092

Qy       1446 LysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsn--------- 1462
              ||||||||||||:::   |||      |||            :::
Db       3093 AAGGGAAAATTCTACAGTTGCACTGATGAGGCCAAACACACCCTGAAAGAATGCAAGGGC 3152

Qy       1463 ------------------LysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArg---------Trp 1473
                                      |||   :::            |||         |||
Db       3153 TCCTTCCTCATCTACCCTGATGGAGATGTGTCACGACCTTTGGTCCGGGAGCGGCTCTGG 3212

Qy       1474 ValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeu 1493
              |||         :::||||||||||||:::      |||:::|||:::||||||   :::
Db       3213 GTCAACAGTGATTTTAACTTTGACAACGTCCTTTCAGCCATGATGGCCCTGTTCACTGTC 3272

Qy       1494 AlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAsp 1513
              ::::::   :::||||||      ::::::|||      :::||||||         |||
Db       3273 TCTACCTTTGAAGGCTGGCCTGCGCTACTATACAAGGCCATAGATGCAAACGCAGAAGAT 3332

Qy       1514 GlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeu 1533
              :::   ||||||   |||::::::      :::   ::::::||||||   :::::::::
Db       3333 GAGGGCCCTATCTACAATTACCATGTGGAGATATCAGTATTCTTCATTGTCTACATCATC 3392

Qy       1534 IleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLys 1553
              |||:::|||||||||::::::|||:::|||||||||   |||:::      |||
Db       3393 ATCATCGCCTTCTTCATGATGAACATCTTTGTGGGCTTTGTTATCATCACATTC------ 3446

Qy       1554 CysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArg 1573
                    :::   ||| . |||:::|||   :::      |||
Db       3447 ------CGTGCCCAGGGAGAGCAGGAGTACCAAAACTGTGAA------------------ 3482

Qy       1574 LeuGluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyr 1593
              |||:::|||   :::|||         :::         :::||||||
Db       3483 CTGGACAAGAACCAGCGCCAGTGTGTGGAATATGCCCTCAAAGCTCAGCCACTCCGCCGA 3542

Qy       1594 TyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeu 1613
              |||         :::      :::      |||               |||
Db       3543 TACATCCCTAAGAATCCTCATCAGTACCGCGTGTGGGCCACTGTGAACTCTGCTGCCTTT 3602

Qy       1614 AspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyr 1633
              :::      :::      :::|||   ||||||   |||   :::||||||:::||||||
Db       3603 GAGTACCTCATGTTTCTGCTCATCCTGCTCAACACGGTGGCCCTAGCCATGCAGCACTAT 3662

Qy       1634 GlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIle 1653
              :::|||            :::   |||:::   |||   |||   :::||||||   :::
Db       3663 GAACAGACTGCTCCCTTTAACTATGCCATGGACATCCTCAACATGGTCTTCACTGGCCTC 3722

Qy       1654 PheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAsp 1673
              |||      |||   |||   |||::::::||||||      :::   :::|||   |||
Db       3723 TTCACCATTGAGATGGTGCTCAAAATCATCGCCTTTAAACCCAAGCATTACTTTGCAGAT 3782

Qy       1674 ArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGlu 1693
                 ||||||      |||      ||||||:::   |||::::::   |||   :::
Db       3783 GCCTGGAATACGTTTGATGCTCTCATTGTAGTGGGCAGTGTAGTCGACATCGCCGTC--- 3839

Qy       1694 GluIleGluValAsnLeuSerLeuPro--IleAsnProThrIleIleArgIleMetArgV 1713
                    |||||||||   :::   |||  |||:::   |||      |||:::   ||||
Db       3840 ---ACAGAAGTCAATAGGACAGCTCCCGCATATCTATCACGTTCTTTCGCCTCTTCCGAG 3896

Qy       1713 alLeuArgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuL 1733
              ||:::|||:::         :::|||||||||            |||:::|||   ||||
Db       3897 TCATGAGGCTG---------GTCAAGCTTCTGAGTAAGGGTGAGGGGATCCGCACACTGC 3947

Qy       1733 euHisThrValMet---------GlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuP 1750
              ||   |||   :::         ||||||||||||   |||            ||||||
Db       3948 TCTGGACATTCATCAAGTCTTTCCAGGCCTTGCCCTATGTG---------GCACTTCTCA 3998

Qy       1750 heMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluC 1770
                   ::::::|||||||||:::|||   :::|||:::::::::||||||   :::
Db       3999 TAGCAATGATATTCTTCATCTATGCAGTCATTGGCATGCAGATGTTTGGCAAGGTGGCTC 4058

Qy       1770 ys---AspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheG 1789
                   |||   |||               :::   |||:::      |||:::   |||
Db       4059 TTCAGGACGGCACGCAG------------ATAAATCGAAACAACAATTTCCAGACCTTTC 4106

Qy       1789 lyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMet- 1808
                   |||   |||   |||||||||   :::||||||:::   |||      ||||||
Db       4107 CGCAGGCTGTGCTGCTTCTGTTCAGGTGTGCCACTGGTGAGGCCTGGCAAGAGATAATGC 4166

Qy       1809 -----LysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSer---------------------- 1819
                         |||         ||||||   ||||||
Db       4167 TAGCCAGCCTTCCAGGAAATCGATGTGACCCTGAGTCTGACTTTGGCCCAGGCGAGGAAT 4226

Qy       1820 --ThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaG 1839
                ||||||      :::      :::   :::||||||:::||||||   :::
Db       4227 TTACCTGT---GGTAGCAGTTTTGCCATCGTCTACTTCATCAGCTTCTTTATGCTCTGTG 4283
```

```
Qy        1839 lnPheValLeuValAsnValValIleAlaValLeuMet---------------------- 1851
                 |||:::::::::|||:::   :::||||||:::|||
Db        4284 CCTTCCTGATTATAAATCTCTTTGTGGCTGTAATCATGGATAACTTTGATTACCTAACCA 4343

Qy        1852 -----------------------LysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluG 1864
                                         ||||||:::|||      |||            |
Db        4344 GAGATTGGTCTATCCTGGGACCCCACCACCTTGATGAATTC---AAGAGGATCTGGTCTG 4400

Qy        1864 luAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGlu---------------------MetLysT 1877
               ||   :::      |||:::      ::::::                     ::::::
Db        4401 AATATGACCCCGGAGCCAAGGGCCGCATCAAGCACTTGGATGTGGTTGCCCTGCTGAGAC 4460

Qy        1877 hrLeuSerProGln---------------------ProHisSer---------------- 1884
                 :::   |||                        ||||||
Db        4461 GCATCCAGCCCCCATTGGGATTTGGAAAGCTATGCCCACACCGAGTGGCCTGCAAGAGAC 4520

Qy        1885 -----------------ProLeuGlySerProPhe------------------------L 1891
                                ||||||   |||   :::                        |
Db        4521 TCGTGGCAATGAATGTGCCCCTCAACTCAGA-TGGAACAGTGACATTCAACGCTACACTC 4579

Qy        1891 euTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysProGlyAlaProHisT 1911
               ||   ||||||   :::               |||      :::||||||:::
Db        4580 TTTGCCCTGGTGCGGACATCCCTGAAGATCAAGACAGAAGGGAACCTGGATCAAGCCAAC 4639

Qy        1911 hrThrAlaHisIleGlyAlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetVal---- 1929
                    |||      |||                     :::         :::|||
Db        4640 CAGGAGCTTCGGATGGTCATCAAAAAGATCTGGAAGCGGATAAAGCAGAAATTGTTGGAT 4699

Qy        1930 --ProHisProGlu---------------------------------------GluValP 1936
                    ||||||                                             :::|
Db        4700 GAGGTCATCCCTCCTCCCGATGAGGAGGAGGTCACTGTGGGAAAATTCTATGCCACATTC 4759

Qy        1936 roValPro---LeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrH 1955
               ||   |||   |||   |||   :::            :::   |||   :::|||
Db        4760 CTGATCCAAGATTATTTCCGAAAATTCCGGAGAAGGAAAGAAAAGGGGCTACTAGGAAGA 4819

Qy        1955 isSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSer---- 1973
                       ||||||         :::|||      |||   :::   |||   :::
Db        4820 GAGGC---CCCAACAAGCACATCCTCTGCCCTCCAGGCTGGTCTAAGGAGCCTGCAGGAC 4876

Qy        1974 --------------------------------------LeuGlyHisArgGlyTrpGlyL 1981
                                                        |||   ||||||   |||
Db        4877 TTGGGTCCTGAGATCCGTCAAGCCCTCACCTATGACACTGAGGAAGAAGAGGAAGAGGAA 4936

Qy        1981 euProLysAlaGlnSerGly------------------------------SerIleLeuS 1991
                                |||                              :::|||
Db        4937 GAGGCAGTGGGTCAGGAGGCTGAGGAAGAGGAAGCTGAGAACAACCCAGAACCATACAAA 4996

Qy        1991 erValHisSerGlnProAla---------------------AspThrSerCysIleLeuG 2004
                 :::|||      ||||||                     |||      |||:::
Db        4997 GACTCCATAGACTCCCAGCCCCAATCTCGATGGAACTCTAGGATTT-CGGTGTCTCTACC 5055

Qy        2004 lnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaI 2024
                 |||   ::::::         |||   |||                     |||
Db        5056 TGTTAAGGAGAAACTTCCAGATTCTCTCTCAACTGGGCCGAGTGATGATGATGGGC---- 5111

Qy        2024 leProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnA 2044
                       ||||||   ||||||   ||||||:::      |||
Db        5112 -----TGGCTCCCAACTCCAGGC---AGCCCAGTGTGATACAGGCTGGCTCCCAACCACA 5163

Qy        2044 laAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuS 2064

Db        5164 CA---------------------------------------------------------G 5166

Qy        2064 erGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArg---------------SerSerSerP 2079
                 |||      |||   ||||||   |||:::|||               ||||||
Db        5167 GAGAAGCTCTGGGGTTTTCATGTTCACTATCCCGGAAGAAGGAAGTATTCAGCTCAAGGG 5226

Qy        2079 heTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSerLysValSerL 2099
                       |||   :::|||:::::::::   |||      :::         ::::::
Db        5227 AACTCAAGGGCAGGACAATCAGAATGAGGAACAGGAAGTCCCTGACTGGACTCCTGACCT 5286

Qy        2099 ysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLysAspProP 2119
                       |||               |||||||||
Db        5287 GGATGAGCAGG---------------CCGGGACTC------------------------C 5307

Qy        2119 roGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuL 2139
                    |||:::|||         |||                  ::::::|||      :
Db        5308 TTCGAACCCAGTCCTTTTACCACCTCACTGG-TCCCAGCAACACGTAAACGGGCACCATG 5366

Qy        2139 euProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysTyrSerValG 2159
               ::|||      :::      |||      |||         |||      ::::::::::
Db        5367 TGCCACGCCGACGTTTGCTGCCCCCCACGCCTGCAGGTCGGAAGCCCTCCTTCACCATCC 5426

Qy        2159 luThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerI 2179
               ::         |||   :::|||   |||
Db        5427 AG---------TGTCTGCAACGCCAGGGC------------------------------- 5446

Qy        2179 leAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProSerProSerSerL 2199
                       ||||||   |||      :::   ||||||      ||||||   :::   |
Db        5447 --------AGTTGTGAAGATTT----ACCTATCCCAGGCACCTACCATCGTGGACGGACC 5494

Qy        2199 eu------------GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysL 2215
               ||            |||         ||||||   |||   |||               :
Db        5495 TCAGGACCAAGCAGGGCTCAGGGTTCCTGGGCAGCCCCTCCTCAGAAGGGTCGACTGCTA 5554

Qy        2215 euSerProPro------------------------------------------------- 2218
               ::   ||||||
Db        5555 TATGCCCCCCTGTTGTTGGTGGAGGAATCTACAGTGGGTGAAGGATACCTTGGCAAACTT 5614

Qy        2219 --------------------SerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgP 2232
                                      :::|||               |||      |||:::|
Db        5615 GGCGGCCCACTGCGTACCTTCACCTGTCTGCAAGTGCCTGGAGCTCATCCGAATCCCAGC 5674

Qy        2232 roPro------------Cys------SerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaProA 2246
               |||||            |||            |||   |||         |||   |||
Db        5675 CACCGCAAGAGGGGCAGTGCTGACAGTTTGGTGGAGGCTGTGCTCATCTCCGAAGGCCTA 5734

Qy        2246 laSerAspSerLysAspProSerValSerSerPro---------LeuAspSerThrAlaA 2263
                 |||            |||::::::      |||            |||
Db        5735 GGTCTCTTTGCCCAAGACCCACGATTTGTGGCCCTGGCCAAGCAGGAGATTGCAGATGCA 5794

Qy        2263 laSerProSerPro 2267
                 ||||||   |||
Db        5795 TGTCACCTGACCCT 5808

RESULT 3
BI905383
LOCUS       BI905383                 990 bp    mRNA    linear   EST 16-OCT-2001
DEFINITION  603167426F1 NCI_CGAP_Lu33 Mus musculus cDNA clone IMAGE:5255383 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BI905383
VERSION     BI905383.1  GI:16167886
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse).
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 990)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Gilbert Smith, Ph.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fatima
            Bonaldo, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by:Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM11645  row: d  column: 08
            High quality sequence stop: 911.
FEATURES             Location/Qualifiers
```

```
     source          1. .990
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="CZECH II"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5255383"
                     /tissue_type="pooled lung tumors"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Lu33"
                     /note="Organ: lung; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a
                     modified polylinker; Site_1: NotI; Site_2: EcoRI; 1st
                     strand cDNA was prepared from mRNA obtained from pooled
                     lung tumors with a Not I - oligo(dT) primer [5'
                     TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCCTCTGTTTTTTTTTTTTTTTTT 3'].
                     Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia),  digested with Not I and cloned into the Not
                     I and Eco RI sites of  the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization, and was
                     constructed  by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo. "
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                3.84e-87      Length:        990
Score:                    1406.00       Matches:       293
Percent Similarity:       90.77%        Conservative:  2
Best Local Similarity:    90.15%        Mismatches:    22
Query Match:              11.69%        Indels:        9
DB:                       4             Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BI905383 (1-990)

Qy        1823 AsnThrValIleSerProIle-TyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLe 1842
               ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           1 AACACCGTCATCTCACCCATCGTACTTCGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCT 60

Qy        1842 uValAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLy 1862
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          61 GGTCAACGTGGTCATAGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAGAGCAACAAAGAGGCCAA 120

Qy        1862 sGluGluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnPr 1882
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         121 GGAGGAGGCGGAGTTGGAGGCGGAGCTGGAGCTAGAGATGAAGACACTCAGCCCGCAGCC 180

Qy        1882 oHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAs 1902
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||
Db         181 CCACTCCCCGCTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTGGAAGGTGTCAATAGCCCTGA 240

Qy        1902 pSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAla---SerGlyPh 1921
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||
Db         241 CAGCCCTAAGCCTGGGGCTCCACACACCACGGCCCACATTGGAGCAGCCTCTTCAGGCTT 300

Qy        1921 eSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyPr 1941
               |||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||   |||||||||||||||||
Db         301 CTCCCTTGAGCACCCCACGATGGTACCTCACACTGAGGAGGGGCCAGTCCCCCTAGGACC 360

Qy        1941 oAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSe 1961
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         361 AGACCTGCTGACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACACACTCTCTGCCCAATGACAG 420

Qy        1961 rTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLe 1981
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         421 CTACATGTGCCGCAATGGGAGCACTGCCGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGGCT 480

Qy        1981 uProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCy 2001
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         481 CCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATCTTGTCTGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTG 540

Qy        2001 sIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTr 2021
               ||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         541 CATCCTACAGCTTCCCAAAGATGCACACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTG 600

Qy        2021 pGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuAr 2041
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         601 GGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCACCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAG 660

Qy        2041 gArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAs 2061
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         661 GCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGACTCCCTGGACGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGA 720

Qy        2061 pLeuLeuSerGluValSerGlyProSerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrp-G 2081
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||| |
Db         721 CCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCCTCCTGCCCTCTGACCCGTCC-TCATCCTTCTGGGG 779

Qy        2081 lyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSer---GlyIleGlnSerLysValSerLys- 2099
               ||||||||||||||   |||         :::         ||||||||||||||||||
Db         780 GCGGGTCGAGCATCCATGTGCCAGCAGGCGCTCCGGCGAGCCAGAGCAAAGTCTCCAAGG 839

Qy        2100 HisIleArgLeuPro-AlaProCysPro-GlyLeuGlu-ProSerTrpAlaLysAspPro 2118
               ||||||||||||||| |||||||||||| ||||||||| |||   ||||||||||||
Db         840 CACATCCGGCTGCCAGGCCCCTTGCCCAGGGCCTGGAAACCAGGCTGGGCCAAGGACCTC 899

Qy        2119 ProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeu 2138
                     ||||||      |||   ||||||   ||||||         ||||||:::|||
Db         900 AAGAGAACCAGAAAGCAGTTAAACTTGGACCGGGAGCTGAAGCTGGGATCAGGGGAACTC 959

Qy        2139 Leu 2139
               |||
Db         960 TTG 962

RESULT 4
BI736618
LOCUS       BI736618                 939 bp    mRNA    linear   EST 20-SEP-2001
DEFINITION  603361089F1 NIH_MGC_94 Mus musculus cDNA clone IMAGE:5367862 5',
            mRNA sequence.
ACCESSION   BI736618
VERSION     BI736618.1  GI:15713631
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 939)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: The Cepko Laboratory
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Incyte Genomics, Inc.
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM11936  row: b  column: 23
            High quality sequence stop: 853.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .939
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:5367862"
                     /tissue_type="retina"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_94"
                     /note="Organ: eye; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally; oligo-dT primed.
                     Average insert size 3.3 kb. Library enriched for
                     full-length clones and constructed by Life Technologies.
                     Note: this is a NIH_MGC Library."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                9.39e-86      Length:        939
Score:                    1385.50       Matches:       282
Percent Similarity:       92.48%        Conservative:  1
```

```
Best Local Similarity:   92.16%       Mismatches:    18
Query Match:             11.52%       Indels:        8
DB:                      4            Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BI736618 (1-939)

Qy        1950 GlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThr 1969
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           3 GGTGTCAGCCGGACACACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGCCGCAATGGGAGCACT 62

Qy        1970 AlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIle 1989
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          63 GCCGAGAGATCCCTAGGACACAGGGGCTGGGGCTCCCCAAAGCCCAGTCAGGCTCCATC 122

Qy        1990 LeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspVal 2009
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         123 TTGTCTGTTCACTCCCAACCAGCAGACACCAGCTGCATCCTACAGCTTCCCAAAGATGCA 182

Qy        2010 HisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProPro 2029
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         183 CACTATCTGCTCCAGCCTCATGGGGCTCCCACCTGGGGCGCCATCCCTAAACTACCCCCA 242

Qy        2030 ProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAsp 2049
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         243 CCTGGCCGCTCCCCTCTGGCTCAGAGGCCTCTCAGGCGCCAGGCAGCAATAAGGACTGAC 302

Qy        2050 SerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyPro 2069
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         303 TCCCTGGACGTGCAGGGCCTGGGTAGCCGGGAAGACCTGTTGTCAGAGGTGAGTGGGCCC 362

Qy        2070 SerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGln 2089
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         363 TCCTGCCCTCTGACCCGCTCCTCATCCTTCTGGGGCGGGTCGAGCATCCAGGTGCAGCAG 422

Qy        2090 ArgSerGlyIleGlnSerLysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGly 2109
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         423 CGCTCCGGCAGCCAGAGCAAAGTCTCCAAGCACATCCGCCTGCCAGCCCCTTGCCCAGGC 482

Qy        2110 LeuGluProSerTrpAlaLysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThr 2129
               |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db         483 CTGGAACCCAGCTGGGCCAAGGACCCTCAAGAGACCAGAAGCAGCTTAGAGCTGGACACG 542

Qy        2130 GluLeuSerTrpIleSerGlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPhePro 2149
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db         543 GAGCTGAGCTGGATTTCAGGAGACCTCCTGCCCAGCAGTCAGGAAGAACCCCTGTCCCCA 602

Qy        2150 ArgAspLeuLysLysCysTyrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPhe 2169
               ||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||
Db         603 CGGGACTTGAAAAAATGCTACAGTGTAGAGGCCCAGAGCTGCCGGCGCAGGCCTGGGTCC 662

Qy        2170 TrpLeuAspGluGlnArgArgHisSerIleAla-ValSerCysLeuAspSerGlySerGl 2189
               ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db         663 TGGCTAGACGAACAGAGGAGACACTCCATCGCTTGTCAGCTGCCTGGACAGCGGCTCCCA 722

Qy        2189 nProArgLeuCysProSerProSerSerLeu-GlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlyS 2209
               ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||      ||||
Db         723 GCCCCGCCTATGTCCAAGCCCCTCAAGCCTCGGGGGGCCAACCTCTGGGGGCCCTGGGGA 782

Qy        2209 erArgProLysLysLysLeuSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnG 2229
               ||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||      :::   |
Db         783 GCCGGCCTAAGAAAAAACTCAG-CCACCCAGTATCTCTATAGACCCCCGGAGAGCA---G 838

Qy        2229 lySerArgProProCysSerProGlyValCysLeuArgArgArgAlaPro-AlaSerAsp 2248
               ||         |||||||||   |||||||||   |||||||||   |||       |||
Db         839 GACCCTCGGCCCCATGCAGTCT-GGCGTCTGCCC-AGGAGGAGG---CCGCGGCAAGGAC 893

Qy        2249 SerLysAspPro 2252
               ||||||||||||
Db         894 TCGAAGGATCCT 905

RESULT 5
BM479323
LOCUS       BM479323                1076 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6418725 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5502230
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM479323
VERSION     BM479323.1  GI:18528365
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1076)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12140  row: a  column: 15
            High quality sequence stop: 692.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1076
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5502230"
                     /tissue_type="retinoblastoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_67"
                     /note="Organ: eye; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 1.75 kb.   Library constructed by Life
                     Technologies."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.06e-82        Length:         1076
Score:                  1343.00         Matches:        281
Percent Similarity:     87.23%          Conservative:   6
Best Local Similarity:  85.41%          Mismatches:     19
Query Match:            11.17%          Indels:         23
DB:                     4               Gaps:           4

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BM479323 (1-1076)

Qy        1458 ArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLys 1477
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           3 AGGAACATCACCAATAAATCGGACTGTGCCGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAG 62

Qy        1478 TyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAsp 1497
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          63 TACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCCTCCAAGGAT 122

Qy        1498 GlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIle 1517
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         123 GGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAGCAGCCCATC 182

Qy        1518 MetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhe 1537
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         183 ATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATTGTGGCCTTC 242

Qy        1538 PheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHis 1557
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         243 TTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGTCGGCAGCAC 302

Qy        1558 GlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLys 1577
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         303 CAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTGGAGAAAAAG 362
```

```
Qy       1578 ArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyr 1597
              ||||||                     :::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 AGAAGG---------------------AAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGACTAC 401

Qy       1598 SerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIle 1617
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        402 TCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATC 461

Qy       1618 ThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGln 1637
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        462 ACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCCCAG 521

Qy       1638 IleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGlu 1657
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||
Db        522 ATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTGGAG 581

Qy       1658 SerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGln 1677
              ||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        582 TCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAG 641

Qy       1678 LeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluVal 1697
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        642 CTGGACCTGGCCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAGGTC 701

Qy       1698 AsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIle-MetArgValLeuArgIleAl 1717
              |||   ||||||||||||||||||||||||||||||||| :::|||||||||||||||||
Db        702 AACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATTGAGGGTGCTGCGCATTGC 761

Qy       1717 aArgValLeuLysLeuLeu-LysMetAlaValGlyMet-ArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
              |||||||||||||||||||  ||||||    ||||||||| |||    ||||||    ||||||
Db        762 CCGAGTGCTGAAGCTGCTGAAAAATGCGTGTGGGCATGCCGGCCGCTGCTGGACACCGTG 821

Qy       1737 MetGlnAla--LeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMet------LeuLeuP 1754
              |||   |||     |||:::  ||||||||||||                   |||:::|
Db        822 ATGCACGCCCCTGTCCCCGGTGGGGAAACCTGGGGACTTTTTCCTCCAGGCCGTTGGTTT 881

Qy       1754 hePheIlePheAlaAlaLeuGlyVal------GluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspG 1772
              ||         ||||||    |||               |||||||||:::
Db        882 TTCATCCCCTCGCCGCTCCTGGCGCCGTGCAGCCTCTTTTTGGAGAA------------- 928

Qy       1772 luThrHisProCysGlu 1777
                      ||||||:::
Db        929 --------CCTTGCAAG 937

RESULT 6
BM451648
LOCUS       BM451648                1064 bp    mRNA    linear   EST 05-FEB-2002
DEFINITION  AGENCOURT_6394764 NIH_MGC_67 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:5493169
            5', mRNA sequence.
ACCESSION   BM451648
VERSION     BM451648.1  GI:18500688
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 1064)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: ATCC
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM12116  row: h  column: 02
            High quality sequence stop: 657.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .1064
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:5493169"
                     /tissue_type="retinoblastoma"
                     /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                     /clone_lib="NIH_MGC_67"
                     /note="Organ: eye; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                     Site_2: SalI; Cloned unidirectionally.  Primer: Oligo dT.
                     Average insert size 1.75 kb.   Library constructed by Life
                     Technologies."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                1.02e-79      Length:        1064
Score:                    1300.00       Matches:       275
Percent Similarity:       78.89%        Conservative:  9
Best Local Similarity:    76.39%        Mismatches:    20
Query Match:              10.81%        Indels:        56
DB:                       4             Gaps:          6

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BM451648 (1-1064)

Qy       1475 ArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAla 1494
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 CGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTTGGCCAGGCCCTGATGTCCCTGTTCGTTTTGGCC 60

Qy       1495 SerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGln 1514
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 TCCAAGGATGGTTGGGTGGACATCATGTACGATGGGCTGGATGCTGTGGGCGTGGACCAG 120

Qy       1515 GlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIle 1534
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 CAGCCCATCATGAACCACAACCCCTGGATGCTGCTGTACTTCATCTCGTTCCTGCTCATT 180

Qy       1535 ValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCys 1554
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 GTGGCCTTCTTTGTCCTGAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCACAAGTGT 240

Qy       1555 ArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeu 1574
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 CGGCAGCACCAGGAGGAAGAGGAGGCCCGGCGGCGGGAGGAGAAGCGCCTACGAAGACTG 300

Qy       1575 GluLysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAla------------------------ 1586
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GAGAAAAAGAGAAGGAGTAAGGAGAAGCAGATGGCTGATCTAATGCTGGACGATGTAATT 360

Qy       1587 ------------------------------GluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
                                            ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCTTACTACTCCGAC 420

Qy       1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TACTCCCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACTTGTGCACCAGCCACTACCTGGACCTCTTC 480

Qy       1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 ATCACAGGTGTCATCGGGCTGAACGTGGTCACCATGGCCATGGAGCACTACCAGCAGCCC 540

Qy       1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 CAGATTCTGGATGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTCACTGTCATCTTTGTCTTG 600

Qy       1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
              |||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        601 GAGTCAGTTTTCAAACTTGTGGCCTTTGGTTTCCGTCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAAC 660

Qy       1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
              ||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        661 CAGCTGGACCTGGNCATTGTGCTGCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAGGAAATCGAG 720

Qy       1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
              ||||||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      |||
Db        721 GTCAACGCCTCGCTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGCATCATGAGGGTGCTGCCCATT 780

Qy       1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHis-ThrVa 1736
              ||||||:::|||||||||   :::|||||||||||||||||||||||||||    |||
Db        781 GCCCGAATGCTGAAGCTGCCTGAAATGGCTGTGGCATGCGGGCGCTGCTGGACAACCGG 840

Qy       1736 lMet-GlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGly---LeuLeuPheMetLeuLeuPheP 1755
               ||| |||||||||||||||||||||      |||         |||   ::::::   |
Db        841 GATGCCAGGCCCTGCCCCAGGTGGGGAAACCTGGAACTTTCCCTTCCAGGTGGTGGGTT 900

Qy       1755 he---IlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrH 1774
              ||      :::   |||||||||            |||:::|||   |||
Db        901 TTCCACCTTGGCCAGCTCTTGGGGCC---------GGGGAACTCCTTTGT---------- 941

Qy       1774 isProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuT 1794

Db        941 ------------------------------------------------------------ 941

Qy       1794 hrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSer 1812
                                  |||:::   |||||||||      |||:::|||:::
Db        942 --------------------GGAGAACCGTGGAATGGG---GACAAAGAACCCACC 974

RESULT 7
AY416501
LOCUS       AY416501                5666 bp    DNA     linear   GSS 17-DEC-2003
DEFINITION  Mus musculus SCN8A gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY416501
VERSION     AY416501.1  GI:39772461
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5666)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 5666)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .5666
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
     gene            <1. .>5666
                     /gene="SCN8A"
                     /locus_tag="HCM5911"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.33e-78      Length:         5666
Score:                  1293.50       Matches:        533
Percent Similarity:     36.60%        Conservative:   338
Best Local Similarity:  22.39%        Mismatches:     757
Query Match:            10.75%        Indels:         755
DB:                     9             Gaps:           83

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AY416501 (1-5666)
```

```
Qy         25 ProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArg 44
              ||||||||||||         :::   :::|||                     |||
Db         22 CCACCAGGCCCCGACAGTTTCAAGCCTTTCACC---------------------CCCGAG 60

Qy         45 SerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAla 64
              |||      :::               :::   :::            |||      |||
Db         61 TCGCTGGCAAACATCGAGAGGCGCATCGCCGAGAGCAAGCTCAAGAAACCACCCAAGGCG 120

Qy         65 GlyAlaGlySerThrGluLysAspProGlySer---------------AlaAspSerGlu 79
                             |||   |||      |||               :::|||   |||
Db        121 GATGGCAGCCACCGGGAGGACGATGAAGACAGCAAGCCCAAGCCAAACAGTGACCTGGAG 180

Qy         80 Ala------------------------------------GluGlyLeu------------ 83
              |||                                    :::||||||
Db        181 GCGGGGAAGAGTTTGCCTTTCATCTACGGGGACATCCCGCAAGGCCTGGTTGCGGTTCCC 240

Qy         84 ---------------ProTyr--------------------------------------- 85
                             ||||||
Db        241 CTGGAGGACTTTGACCCGTACTATTTGACGCAGAAAACTTTTGTAGTATTAAACAGAGGG 300

Qy         86 ---------------------------ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeu 96
                                         |||||||||               :::   |||
Db        301 AAAACTCTCTTCAGATTTAGCGCCACTCCTGCCTTG---------------TACATTCTA 345

Qy         97 SerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGlu 116
              |||      :::      |||         ::::::   :::   :::   :::|||
Db        346 AGTCCTTTTAACCTGATAAGAAGAATAGCTATTAAAATTTTGATACATTCATTCTTCAGC 405

Qy        117 ArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgProCys 136
                 :::   |||      ||||||   |||||||||   :::            |||
Db        406 ATGATCATCATGTGCACCATCCTGACCAACTGTGTATTCATGACTTTTAGTAACCCTCCC 465

Qy        137 GluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAspAspPheIle 156
              |||                                                ::::::
Db        466 GAA---------------------------------TGGTCCAAGAATGTGGAGTACACA 492

Qy        157 Phe---AlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGlyIlePheGly 175
              |||         :::      |||   :::||||||::::::|||   |||
Db        493 TTCACAGGGATTTACACATTTGAATCACTGGTGAAAATCATCGCCAGAGGTTTC------ 546

Qy        176 LysLysCys---------------TyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeuAspPhePhe 190
                    |||               :::|||   |||   ||||||   |||||||||
Db        547 ------TGCATAGACGGCTTCACCTTCTTACGAGACCCGTGGAACTGGTTAGACTTCAGT 600

Qy        191 IleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSerPheSerAla 210
              :::::::::         :::         ::::::|||   ||||||      ||||||
Db        601 GTCATCATGATGGCGTATATAACAGAGTTTGTAAACCTAGGCAATGTT------TCAGCT 654

Qy        211 ValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValProSerMetArg 230
              :::||||||   ||||||||||||   |||:::   |||:::   :::|||   ::::::
Db        655 CTACGCACTTTCAGGGTACTGAGGGCTTTGAAAACTATTTCGGTAATCCCAGGCCTGAAG 714

Qy        231 IleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeuLeuLeuCys 250
                 :::|||      |||:::   ::::::      |||   :::|||::::::|||
Db        715 ACAATCGTGGGCGCCCTCATCCAGTCTGTGAAGAAGCTGTCAGACGTGATGATCCTGACG 774

Qy        251 PhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGlyLeuLeuArg 270
                 |||         :::|||   ::::::|||:::||||||:::   |||   ||||||
Db        775 GTGTTCTGCCTGAGTGTCTTCGCCCTGATTGGCCTGCAGCTCTTCATGGGGAACCTTCGA 834

Qy        271 AsnArgCysPheLeu---ProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAspLeuGluPro 289
              |||:::|||   :::   |||   ||||||:::                     |||
Db        835 AACAAGTGTGTCGTGTGGCCCATAAACTTCAAC---------------------GAGAGC 873

Qy        290 TyrTyrGlnThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSerGlnProArgGluAsn 309
              |||                                                   ||||||
Db        874 TATCTG------------------------------------------------GAGAAC 885

Qy        310 GlyMetArgSerCysArgSerValProThrLeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProPro 329
              |||   |||
Db        886 GGCACCAGA--------------------------------------------------- 894

Qy        330 CysSerLeuAspTyrGluThrTyr------------------------------------ 337
```

```
                    |||:::|||   |||
Db     895 ---GGCTTCGACTGGGAGGAGTATATCAACAATAAAACAAACTTTTACATGGTCCCTGGC 951

Qy     338 ------------------------AsnSerSerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsn 349
                                   |||||||||            |||
Db     952 ATGCTAGAACCCTTGCTCTGCGGGAACAGCTCTGACGCCGGGCAATGCCCAGAGGGGTTC 1011

Qy     350 GlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGluHisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPhe 369
           |||            |||               ||||||      |||      :::|||
Db    1012 CAG------------TGCATGAAAGCAGGAAGAAATCCCAACTACGGCTACACCAGCTTC 1059

Qy     370 AspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIlePheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpVal 389
           |||         :::|||::::::|||:::|||:::::::::|||   :::   |||
Db    1060 GACACCTTCAGCTGGGCCTTCCTGGCACTGTTCCGCCTCATGACTCAGGACTACTGGGAG 1119

Qy     390 AspIleMetTyrPheValMetAspAlaHisSerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeu 409
           ::::::            :::   |||                  |||:::|||:::|||
Db    1120 AACTTATACCAGCTGACCTTACGAGCGGCTGGGAAAACGTACATGATCTTCTTTGTCTTG 1179

Qy     410 LeuIleIleValGlySerPhePheMetIleAsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGln 429
           :::|||   ||||||||||||:::::::::||||||   |||   |||:::|||
Db    1180 GTGATCTTCGTGGGTTCTTTCTATTTGGTGAACTTGATCTTGGCTGTGGTGGCCATGGCT 1239

Qy     430 PheSerGluThrLysGlnArgGluSerGlnLeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeu 449
           :::   |||
Db    1240 TACGAAGAG--------------------------------------------------- 1248

Qy     450 SerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSerGluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeu 469
              |||   :::||||||            :::      :::   ::::::   :::|||
Db    1249 CAGAACCAGGCAACACTGGAGGAGGCAGAGCAGAAAGAGGCAGAGTTCAAGGCGATGCTG 1308

Qy     470 LysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAlaAlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAla 489
           :::   |||               |||      :::      ||||||         |||
Db    1309 GAGCAGCTC---------------AAGAAGCAGCAGGAGGAGGCGCAGTCAGAAGATGCC 1353

Qy     490 IleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSerProValAlaArgSerGlyGlnGlu------ 507
           |||                                          |||::::::
Db    1354 ATT---------------------------------GAAGAAGAAGGGGAAGATGGGGTA 1380

Qy     508 ------ProGlnProSerGly-SerCysThrArgSerHisArgArgLeuSerValHisHi 525
                 |||:::   |||    ||||||      |||
Db    1381 GGCTCTCCGAGGAGCTCATCTGAGCTGTCTAAACTCA----------------------- 1417

Qy     525 sLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeuGlyAsnGlyThrLeuAr 545

Db    1417 ------------------------------------------------------------ 1417

Qy     545 gValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArgAspAlaAsnGlySerArgArgLeuMe 565
            ||||||||||||         :::                  ||||||||||||
Db    1418 -GTTCCAAGAGCGCGAAGGAGCGTCGGAACCGACGGAAGAAGAGGAAGCAGAAGGAGCTC 1476

Qy     565 tLeuProProProSerThrProThrProSerGlyGlyProProArgGlyAlaGluSerVa 585
            |||                              |||      ||||||
Db    1477 TCTGAAG---------------------------GGGAGGAGAAGGGGGACC-------- 1501

Qy     585 lHisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaProProPr 605
                                                                  |||
Db    1502 -------------------------------------------------------CCGAG 1506

Qy     605 oArgCysProSerGluAla---------------------------SerGly---ArgTh 615
            ||||||   |||::::::                           ||||||   :::||
Db    1507 AAGGTGTTTAAGTCAGAGTCGGAAGATGGCATGAGAAGGAAGGCCTTCCGGCTGCCAGAC 1566

Qy     615 rValGlySerGlyLysValTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLy 635
           |:::|||   |||:::   :::                                 :::
Db    1567 AATAGGATA-GGGAGGAAATTTTCC------------------------------ATCAT 1595

Qy     635 sAspLysAlaLeuValGluValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAs 655
            :::::::::|||:::   :::         ||||||   |||   |||:::      ||
Db    1596 GAATCAGTCGCTGCTCAGCATC---------CCAGGCTCGCCCTTCCTTTCCCGACACAA 1646

Qy     655 nIlePro------------------------ProGlyProPhe----------------- 661
            |                             ||||||   |||
Db    1647 CAGCAAAAGCAGCATCTTCAGCTTTCGGGGTCCTGGACGGTTCCGGGACCCCGGTTCGGA 1706

Qy     662 -------------SerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSer-ThrGlyAlaCysH 677
                                 |||      :::|||             ||||||
Db    1707 GAACGAGTTCGCAGACGACGAGCACAGCACAGTGGAGGAAAGTGAGGGCCGGCGCGACTC 1766

Qy     677 isSerSerCysLysIleSerSerProCysSer---------------------------- 687
             ||||||   :::   |||:::|||   |||
Db    1767 GCTCTTCATCCCGA---TCCGCGCCCGCGAGCGCCGCAGCAGCTACAGCGGCTACAGCGG 1823

Qy     688 -----------------------LysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro---------- 696
                                  :::|||   |||   |||||||||
Db    1824 CTACAGCCAGTGCAGCCGCTCGTCGCGCATCTTCCCCAGCCTGCGGCGCAGCGTGAAACG 1883

Qy     697 --------------AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluS 712
                            :::      :::|||      :::|||   |||
Db    1884 CAACAGCACCGTGGACTGCAATGGCGTGGTGTCGCTCATCGGGCCT-GGC------TCGC 1936

Qy     712 erAlaAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspA 732
                      ::::::|||::::::   :::|||         :::
Db    1937 ACATCGGGCGGCTCCTGCCTGAGGCAACAACTGAGGTGGAGATTAAG------------- 1983

Qy     732 laGlnHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProA 752

Db    1984 -----------------------------------------------------------A 1984

Qy     752 spAlaGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLys- 771
                   |||   |||:::|||               :::            ||||||
Db    1985 AGAAAGGCCCTGGATCGCTCTTAGTCTCCATGGAACAACTCGCCTCCTACGGACGGAAGG 2044

Qy     772 --IleValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrL 791
                ::::::|||                     :::::::::::::::   |||||||
Db    2045 ACAGAATCAACAGT---------------------ATAATGAGCGTTGTCACAAACACAC 2083

Qy     791 eu---------------------------------------------------------- 791
           ||
Db    2084 TAGTGGAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2143

Qy     791 ------------------------------------------------------------ 791

Db    2144 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2203

Qy     791 ------------------------------------------------------------ 791

Db    2204 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2263

Qy     792 --SerMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleS 811

Db    2264 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2323

Qy     811 erAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrG 831
                   |||||||||   :::|||      ||||||   |||||||||:::
Db    2324 NNNNNNNNGTGTTCACTGGGATCTTCACGGCGGAAATGTTCCTGAAGCTCATAGCCATGG 2383

Qy     831 lyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleS 851
             |||:::   |||   :::      :::|||||||||||||||   ||||||   :::|
Db    2384 ATCCCTACTATTACTTCCAAGAAGGCTGGAACATTTTTGACGGATTTATCGTCTCCCTCA 2443

Qy     851 erValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgL 871
           ||:::   |||:::                  ||||||||||||||||||:::|||||||
Db    2444 GTTTAATGGAGCTGGGCCTTGCAGACGTGGAGGGGCTCTCAGTGCTGCGATCTTTCCGAT 2503

Qy     871 euMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValL 891
           ||:::||||||   ||||||   :::      |||   |||         :::   ::::
Db    2504 TGCTCCGAGTCTTCAAATTGGCCAAGTCCTGGCCCACCCTGAACATGCTGATCAAGATCA 2563

Qy     891 euMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheI 911
           ::      ::::::      :::            ::::::|||   :::   :::||||
Db    2564 TTGGGAACTCCGTTGGCGCCCTGGGCAACCTGACCCTGGTGCTGGCCATCATTGTCTTCA 2623

Qy     911 lePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGly---------------------CysLysP 924
           |||||:::::::::||||||   |||||||||                     ||||||
Db    2624 TCTTTGCCGTGGTGGGGATGCAGCTCTTTGGAAAGAGCTACAAGGAGTGCGTCTGTAAGA 2683
```

```
Qy      924 heAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuT 944
              :::   |||               ||||||   |||   :::   :::
Db     2684 TCAGCCAGGAG---------TGCAAGCTCCCG---CGCTGGCACATGAACGACTTCTTCC 2731

Qy      944 rpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGlu------AspTrpAsnLysValL 962
              :::   :::   ||||||::::::|||      |||      :::   :::      |
Db     2732 ACTCCTTCCTCATCGTCTTCCGAGTGCTGTGTGGGGAGTGGATCGAGACCAGTGCTGAAC 2791

Qy      962 euTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetT 982
            ||   :::|||:::||||||
Db     2792 TTATTTCTGGCCTTGCTTCTGAG------------------------------------- 2814

Qy      982 hrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGlnA 1002
                                                     |||::::::      |||:
Db     2815 -----------------------------------------CTCCTTCAGCGCAGACAAT 2833

Qy     1002 laGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAspG 1022
            ::   |||         :::      :::|||               |||:::      |
Db     2834 CTGGCGGCCACGGACGACGACGGGGAAATGAA------------CAACCTGCAGATATCG 2881

Qy     1022 lyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuA 1042
            |||||   |||::::::   |||               ||||||:::
Db     2882 GTGATCCGGATCAAGAAGGGCGT------------GGCCTGGGCCAA------------- 2916

Qy     1042 rgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHisProL 1062
                                                              |||
Db     2917 --------------------------------------------------AGTGAAGGTG 2926

Qy     1062 ysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrSerSerS 1082
                          |||      :::|||   |||               |||
Db     2927 CATGCCTTCATGCAGGCACACTTCAAGCAACGGGAGGCTGATGAAGTGAAACCTTTAGAC 2986

Qy     1082 erGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgS 1102
                       |||   |||      |||   :::
Db     2987 GAGCTGTATGAGAAGAAGGCCAACTGCATCGCCAA------------------------- 3021

Qy     1102 erSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgA 1122
                 ||||||      |||:::         :::   |||||||||:::
Db     3022 -----CCACACCG-GCGTGGACATTCACAGGAACGGCGACTTCCAGAAAAATGGAAATGG 3075

Qy     1122 snSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyGluArgArgSerL 1142
                 |||      :::      |||
Db     3076 CACCACTAGCGGCATCGGCAAAACTG---------------------------------- 3101

Qy     1142 euLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgA 1162
                                         |||:::      |||||||||
Db     3102 -----------------------------GACGATACCAGCTCCTCAGAA---------- 3122

Qy     1162 laSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerS 1182
                                                                    |||:
Db     3123 -----------------------------------------------------GGGAGTA 3129

Qy     1182 erPheAspLeu---ProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyA 1201
            ::   |||:::   |||:::      :::||||||
Db     3130 CCATCGACATCAAGCCTGAGGTGGAAGAAGTCCCA------------------------- 3164

Qy     1201 rgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaA 1221

Db     3164 ------------------------------------------------------------ 3164

Qy     1221 rgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnL 1241
                 :::         :::      ||||||   |||            ||||||   :
Db     3165 -----GTGGAGCAGCCTGAGGAATACTTGGATCCAGACGCCTGCTTCACGGAGGGTTGTG 3219

Qy     1241 euSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgG 1261
            ::   :::   :::                                    ||||||:::
Db     3220 TCCAGAGGTTCAAG------------------------------------TGCTGCCAGG 3243

Qy     1261 luArg------------------AspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerA 1275
                                      ||||||      :::|||
Db     3244 TCAACATCGAGGAAGGACTAGGCAAGTCGTGG------TGGATC---------------- 3281

Qy     1275 rgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuV 1295
                 |||      |||      |||:::   |||      |||:::      ::::::
Db     3282 --CTGCGGAAAACCTGCTTCCTCATTGTGGAGCACAATTGGTTTGAGACCTTCATCATTT 3339

Qy     1295 alIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisS 1315
              :::|||   |||:::         :::|||   |||         |||:::
Db     3340 TCATGATTCTCCTCAGCAGTGGAGCCCTGGCCTTCGAGGACATCTACATTGAGCAGAGGA 3399

Qy     1315 erAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaG 1335
                    |||      |||      ::::::   :::||||||   :::|||:::   |
Db     3400 AGACCATCCGTACCATCCTGGAGTATGCGGACAAGGTCTTCACCTACATCTTCATCCTGG 3459

Qy     1335 luMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgS 1355
            |||||   :::|||      |||   |||:::                  :::      :
Db     3460 AGATGTTGCTCAAATGGACAGCCTATGGCTTCGTC------------AAGTTCTTCACCA 3507

Qy     1355 erSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValS 1375
            :::::|||      ||||||   |||:::|||
Db     3508 ATGCCTGGTGCTGGTTGGACTTCCTCATTGTGGCTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 3567

Qy     1375 erMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuA 1395

Db     3568 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 3627

Qy     1395 rgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluT 1415
                                                           :::||||||
Db     3628 NNNNN---------NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGTGGTGGTGAACG 3678

Qy     1415 hrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheI 1435
              |||:::   ::::::      |||   |||::::::::::::|||      |||::::
Db     3679 CCTTGGTGGGCGCCATCCCCTCCATCATGAACGTGCTGCTGGTGTGTCTCATCTTCTGGC 3738

Qy     1435 leIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyG 1455
            ::||||||   |||:::||||||   ||||||   ||||||:::      |||      |
Db     3739 TGATTTTCAGCATCATGGGCGTTAACCTGTTTGCTGGGAAATACCACTACTGCTTCAACG 3798

Qy     1455 luAspThrArg------------------AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGlu- 1468
            ||   :::                        :::   ||||||:::||||||   :::
Db     3799 AGACTTCAGAAATCCGGTTCGAAATCGACGAGGTGAACAATAAAACCGACTGTGAGAAGC 3858

Qy     1469 -----------------AlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnL 1483
                                      ||||||         |||   ||||||||||||:
Db     3859 TCATGGAGGGCAACAACACAGAGATCCGATGGAAGAACGTCAAGATCAACTTCGACAACG 3918

Qy     1483 euGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleM 1503
            ::|||         ::::::|||      :::|||:::      ||||||:::|||||||
Db     3919 TCGGGGCAGGCTACCTGGCCCTTCTTCAAGTGGCAACCTTCAAAGGCTGGATGGACATCA 3978

Qy     1503 etTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProT 1523
            |||||      :::|||:::         |||:::||||||            |||   :
Db     3979 TGTATGCAGCTGTAGATTCCCGAAAGCCGGACGAGCAGCCTGATTATGAGGGCAACATCT 4038

Qy     1523 rpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetP 1543
            ::|||   :::||||||:::   |||::::::      :::||||||   ||||||:::|
Db     4039 ACATGTACATCTACTTCGTCATCTTCATCATCTTCGGCTCCTTCTTCACCCTCAACCTGT 4098

Qy     1543 heValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluA 1563
            ||:::||||||:::::::::||||||::::::   ::::::            ::::::
Db     4099 TCATCGGTGTCATCATCGACAATTTCAATCAACAGAAGAAAAAGTTTGGAGGTCAGGACA 4158

Qy     1563 la---ArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLysG 1582
                          |||:::|||:::               ||||||      ||||||:
Db     4159 TCTTCATGACAGAGGAACAGAAGAAGTACTACAACGCCATGAAGAAGCTAGGCTCCAAGA 4218

Qy     1582 luLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgL 1602
            ::   |||                  ||||||               ::::::   :::
Db     4219 AGCCACAG------------------AAGCCCATCCCCCGACCTTTGAACAAAATCCAAG 4260

Qy     1602 euLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIleG 1622
              :::|||            |||            |||:::   |||      :::|||
Db     4261 GGATTGTCTTTGATTTCGTCACGCAACAAGCCTTCGACATCGTGATCATGATGCTCATCT 4320

Qy     1622 lyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluA 1642
```

```
                ||||||:::|||||||||   :::|||         |||   :::   ::::::
Db       4321 GCCTTAACATGGTGACCATGATGGTGGAGACAGACACACAGAGCAAGCAGATGGAGAACA 4380

Qy       1642 laLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLysL 1662
                |||         |||   :::|||   :::   |||      |||   |||   |||:
Db       4381 TTCTCTACTGGATTAATCTGGTCTTCGTCATCTTCTTCACCTGCGAGTGTGTGCTCAAAA 4440

Qy       1662 euValAlaPheAlaPheArgArg---PhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuA 1681
              ::      ||||||   |||      :::|||         ||||||      |||
Db       4441 TG------TTTGCCTTGAGACACTACTATTTCACCATTGGCTGGAACATCTTTGACTTTG 4494

Qy       1681 laIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSerL 1701
                :::|||:::|||||||||:::|||:::   |||   :::|||
Db       4495 TGGTGGTCATTCTCTCCATTGTGGGAATGTTCCTGGCTGATATCATTGAGAAGTACTTC- 4553

Qy       1701 euProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLeuL 1721
                   ::::::||||||:::   |||::::::|||:::   ||||||   |||:::|||:
Db       4554 -----GTCTCCCCGACCCTATTCCGCGTCATCCGATTGGCCCGCATCGGGCGCATCTTGC 4608

Qy       1721 ysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLeuP 1741
              ::|||:::|||   |||   |||:::|||   ||||||      :::|||   :::||||
Db       4609 GTCTGATCAAGGGCGCCAAAGGGATCCGCACCCTGCTCTTTGCCTTAATGATGTCGCTGC 4668

Qy       1741 roGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuG 1761
              ||   :::   |||:::|||||||||      |||:::   |||||||||:::      |
Db       4669 CCGCCCTGTTCAACATCGGCCTCCTGCTCTTCCTGGTCATGTTCATCTTCTCCATCTTTG 4728

Qy       1761 lyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyA 1781
              ||:::      |||      ::::::   :::                  |||:::
Db       4729 GGATGTCCAACTTCGCGTACGTGAAGCACGAG---------------GCCGGCATTGATG 4773

Qy       1781 rgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrG 1801
                         |||      ||||||   :::   :::   ||||||:::::::::|||
Db       4774 ACATGTTCAACTTCGAGACGTTTGGCAACAGCATGATCTGCCTGTTCCAGATCACGACCT 4833

Qy       1801 lyAspAsnTrpAsnGlyIleMet---------------LysAspProSerArgAspCysA 1816
                      |||:::|||::::::               :::   |||            |
Db       4834 CTGCTGGTTGGGATGGCTTACTGCTGCCAATCCTGAACCGCCCCCCTGACTGCAGCTTGG 4893

Qy       1816 spGlnGlu--------------------SerThrCysTyrAsnThrValIleSerProI 1829
              ||:::|||                           |||   |||      :::
Db       4894 ACAAGGAGCACCCAGGAAGTGGCTTCAAAGGGGACTGCGGGAACCCCTCCGTGGGCATCT 4953

Qy       1829 leTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAlaV 1849
                :::|||||||||:::::::::   :::      ::::::||||||:::   ||||||:
Db       4954 TCTTCTTCGTCAGCTACATCATCATCTCCTTTCTGATCGTGGTAAACATGTACATTGCCA 5013

Qy       1849 alLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGlu---------GluAlaG 1866
              :::::::::::::::        :::   :::|||:::   :::         |||   :
Db       5014 TCATCTTGGAGAACTTCAGCGTAGCCACAGAGGAAAGCGCCGATCCTCTGAGCGAGGACG 5073

Qy       1866 luLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerProL 1886
              ::   |||         |||
Db       5074 ACTTCGAGACTTTCTATGAG---------------------------------------- 5093

Qy       1886 euGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLysP 1906
                            :::|||         :::
Db       5094 --------------ATCTGGGAGAAGTTTGAT---------------------------- 5111

Qy       1906 roGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGly-----------AlaAlaSerGlyPheS 1922
                      |||      |||      |||               |||            :
Db       5112 --------CCTGATGCCACCCAGTTCATCGAGTACTGTAAGCTGGCCGACTTTGCCGACG 5163

Qy       1922 erLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProA 1942
              ::|||||||||||||     ||||||   |||      :::   :::   :::      |
Db       5164 CCCTGGAGCATCCGCTCCGAGTACCCAAGCCCAACACCATCGAGCTC---ATCGCCATGG 5220

Qy       1942 spLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerT 1962
              |||||      |||      ||||||      |||   |||   |||      |||
Db       5221 ACCTGCCCATGGTG------AGCGGA---GATCGAATCCACTGCTTG------GACATCC 5265

Qy       1962 yrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeuP 1982
                               :::      :::|||   ||||||      |||
```

```
Db       5266 TTTTC------------GCCTTCACCAAGCGAGTCCTGGGAGACAGTGGG---------- 5303

Qy       1982 roLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
                                     |||   :::      |||      :::         :
Db       5304 -------------------GAGTTGGACATCCTGCGGCAGCAGATGGAGGAGCGGTTCG 5343

Qy       2002 leLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTrpG 2022
              ::         |||      |||   |||
Db       5344 TGGCGTCCAATCCTTCCAAAGTGTCTTAC------------------------------- 5372

Qy       2022 lyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuArgA 2042
                                                 |||:::               |||:
Db       5373 --------------------------------GAGCCTATCACGACCACTCTGCGGCGCA 5400

Qy       2042 rgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAspL 2062
              ::|||
Db       5401 AGCAG------------------------------------------------------- 5405

Qy       2062 euLeuSerGluValSerGlyPro-SerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpGly 2081
                      |||||||||       ||||||   :::            ::::::   |||
Db       5406 -----GAAGAGGTGTCTGCAGTGGTCTTGCAGCGTGCTTACAGGGGACACCTGGCTAGGC 5460

Qy       2082 GlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSer---------------GlyIleGlnSerLys 2096
              |||:::|||            :::||||||                  :::::::::
Db       5461 GGGGCTTCA------TCTGCAGAAAGATCACTTCCAACAAGCTGGAGAATGGAGGCACCC 5514

Qy       2097 ValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaLys 2116
                    :::      |||   |||   |||   |||            :::   |||
Db       5515 ACCGAGAGAAGAAGGAGAGCACCCCGTCCACAGCCTCCCTCCCCTCTTACGACAGCGTGA 5574

Qy       2117 AspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerGly 2136
                    |||      |||||||||                              ||||||
Db       5575 CAAAGCCCGACAAGGAGAAGCAGC------------------------------AGCGGG 5604

Qy       2137 AspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLys 2154
                                :::|||            ||||||      ||||||
Db       5605 CAGAGGAAGGCAGGAGGGAAAGAG------------CCAAGAGGCAAAAAGAAG 5646

RESULT 8
CF548698
LOCUS       CF548698                 879 bp    mRNA    linear   EST 22-SEP-2003
DEFINITION  AGENCOURT_15594508 NICHD_XGC_Brn1 Xenopus laevis cDNA clone
            IMAGE:7018586 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF548698
VERSION     CF548698.1  GI:34885530
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Xenopus laevis (African clawed frog)
  ORGANISM  Xenopus laevis
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Amphibia; Batrachia; Anura; Mesobatrachia; Pipoidea; Pipidae;
            Xenopodinae; Xenopus; Xenopus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 879)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Daniela S. Gerhard, Ph.D.
            Office of Cancer Genomics
            National Cancer Institute / NIH
            Bldg. 31 Rm10A07 Bethesda, MD 20892
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement:
             cDNA Library Preparation: Life Technologies, Inc.
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: LLAM14738  row: j  column: 24
            High quality sequence stop: 646.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..879
                     /organism="Xenopus laevis"
                     /mol_type="mRNA"
```

```
                  /db_xref="taxon:8355"
                  /clone="IMAGE:7018586"
                  /dev_stage="adult"
                  /lab_host="DH10B (phage-resistant)"
                  /clone_lib="NICHD_XGC_Brn1"
                  /note="Organ: brain; Vector: pCMV-SPORT6; Site_1: NotI;
                  Site_2: SalI; Cloned unidirectionally. Primer: Oligo dT.
                  Average insert size 1.5 kb. Constructed by Life
                  Technologies. Note: This is a Xenopus Gene Collection
                  (XGC) library."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.09e-78      Length:        879
Score:                  1275.00       Matches:       250
Percent Similarity:     91.19%        Conservative:  19
Best Local Similarity:  84.75%        Mismatches:    17
Query Match:            10.60%        Indels:        9
DB:                     7             Gaps:          2

US-09-611-257A-24 (1-2287) x CF548698 (1-879)

Qy       1497 AspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnPro 1516
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||
Db          1 GACGGATGGGTGGACATCATGTATGATGGACTGGATGCTGTCGGAATTGACCAGCAGCCA 60

Qy       1517 IleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAla 1536
              :::||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GTGATGAATTACAACCCTTGGATGCTGCTATATTTCATCTCATTTTTGCTGATTGTGGCA 120

Qy       1537 PhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGln 1556
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 TTTTTTGTGCTCAACATGTTTGTGGGTGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCCGGCAG 180

Qy       1557 HisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLys 1576
              |||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||||||||:::||||||
Db        181 CATCAGGAGGAGGAGGAAGCGAAGAGACGGGAAGAAAAGAGGCTCCGCAGGATGGAGAAA 240

Qy       1577 LysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAsp 1596
              |||||||||                     :::||||||||||||||||||||||||:::
Db        241 AAGAGAAGG---------------------AAGGCCCAGTGTAAACCCTACTATTCGGAG 279

Qy       1597 TyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPhe 1616
              ||||||      |||||||||:::|||   :::|||||||||||||||||||||||||||
Db        280 TATTCTCACCTTCGGCTCCTCATCCATCAGATCTGTACAAGTCATTATTTGGATTTGTTT 339

Qy       1617 IleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnPro 1636
              |||||||||||||||||||||||||||:::||||||||||||||||||||||||||||||
Db        340 ATTACTGGGGTCATTGGATTGAATGTTATCACTATGGCAATGGAGCACTATCAGCAACCC 399

Qy       1637 GlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPhe 1656
              |||:::|||   |||||||||||||||||||||||||||||||||:::|||||||||
Db        400 CAGGTATTGGTTGAAGCTCTAAAAATCTGTAATTACATCTTTACCCTCATTTTCGTACTG 459

Qy       1657 GluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsn 1676
              ||||||      |||::::::||||||   |||||||||||||||:::||||||||||||
Db        460 GAATCTGGGTGCAAAATGATAGCTTTTGGCTTCCGGCGATTCTTTAAAGACAGGTGGAAC 519

Qy       1677 GlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGlu 1696
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        520 CAGTTGGATCTGGCCATCGTTCTTCTCTCCATCATGGGAATCACACTGGAAGAGATTGAA 579

Qy       1697 ValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIle 1716
              ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        580 GTCAATGCATCACTGCCCATTAACCCAACAATCATCCGAATAATGAGGGTCTTGCGGATT 639

Qy       1717 AlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrVal 1736
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||
Db        640 GCTCGGGTGCTGAAGTTATTAAAGATGGCAGTCGGTATGCGAGCCCTGCTGGATACGGTT 699

Qy       1737 MetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIle 1756
              :::|||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        700 CTGCAAGCGCTTTCTCAAGTGGGGAATCTCGGCCTGCTCTTTATGCTGCTGTTCTTTTAA 759

Qy       1757 PheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCys 1776
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||:::         :::|||||||||
Db        760 TTTGCCGCTCTGGGAGTTGAACTTTTGGTGACTTAAAAAGCACTGGATCCCATCCCTGT 819

Qy       1777 Glu-GlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsn---PheGly 1789
              ||| ||||||||||||   |||||||||:::      ||||||
Db        820 GAAAGGTCTTGGCAGACTTGCCACTTTTCAAGGAATTTTCGGG 862

RESULT 9
CA319705
LOCUS       CA319705                 793 bp    mRNA    linear   EST 09-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-FW0-cca-d-09-0-UI.r1 NIH_BMAP_FW0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6816826 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CA319705
VERSION     CA319705.1  GI:24537829
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 793)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
             (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .793
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6816826"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FW0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.7e-77       Length:        793
Score:                  1256.50       Matches:       241
Percent Similarity:     92.40%        Conservative:  2
Best Local Similarity:  91.63%        Mismatches:    9
Query Match:            10.45%        Indels:        11
DB:                     6             Gaps:          1
```

```
US-09-611-257A-24 (1-2287) x CA319705 (1-793)

Qy        1444 LeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLys 1463
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db           3 CTCTTCAAAGGGAAGTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAG 62

Qy        1464 SerAspCysAlaGluAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeu 1483
               |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          63 TCCGACTGTCCTGAGGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTG 122

Qy        1484 GlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMet 1503
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         123 GGCCAGGCTCTGATGTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGCTGGGTTGACATCATG 182

Qy        1504 TyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrp 1523
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         183 TATGATGGACTGGATGCTGTGGGAGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCTTGG 242

Qy        1524 MetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPhe 1543
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         243 ATGCTGCTCTACTTCATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTCGTCCTGAACATGTTT 302

Qy        1544 ValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAla 1563
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         303 GTGGGCGTGGTGGTGGAGAACTTCCATAAGTGCAGGCAGCACCAGGAGGAGGAGGAGGCG 362

Qy        1564 ArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg------------ 1579
               ||||||||||||||||||||||||:::|||||||||||||||||||||
Db         363 CGGCGGCGGGAGGAGAAGCGACTAAAGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGTTG 422

Qy        1580 ---------------------SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysPro 1592
                                    |||               :::||||||||||||||||||
Db         423 GACGATGTAATTGCTTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCC 482

Qy        1593 TyrTyrSerAspTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyr 1612
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         483 TACTACTCTGACTACTCGCGCTTCCGGCTCCTCGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTAC 542

Qy        1613 LeuAspLeuPheIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHis 1632
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         543 CTGGACCTCTTCATCACTGGTGTCATCGGGCTGAATGTGGTCACGATGGCCATGGAACAT 602

Qy        1633 TyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrVal 1652
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         603 TACCAGCAGCCCCAGATCCTGGACGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTTACCGTC 662

Qy        1653 IlePheValPheGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGln 1672
               |||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||   ||||||||||||||||||
Db         663 ATCTTTGTCTTGGAGTCAGTATTCANACTTGTGGCCTTCGGCTTCCGCCGGTTCTTCCAG 722

Qy        1673 AspArgTrpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeu 1692
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         723 GACAGGTGGAACCAGCTGGACCTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACGCTG 782

Qy        1693 GluGluIle 1695
               |||||||||
Db         783 GAAGAGATT 791

RESULT 10
AY416499
LOCUS       AY416499                5943 bp    DNA     linear   GSS 17-DEC-2003
DEFINITION  Homo sapiens SCN8A gene, VIRTUAL TRANSCRIPT, partial sequence,
            genomic survey sequence.
ACCESSION   AY416499
VERSION     AY416499.1  GI:39772459
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      Homo sapiens (human)
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5943)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Inferring nonneutral evolution from human-chimp-mouse orthologous
            gene trios
  JOURNAL   Science 302 (5652), 1960-1963 (2003)
   PUBMED   14671302
REFERENCE   2  (bases 1 to 5943)
  AUTHORS   Clark,A.G., Glanowski,S., Nielson,R., Thomas,P., Kejariwal,A.,
            Todd,M.A., Tanenbaum,D.M., Civello,D.R., Lu,F., Murphy,B.,
            Ferriera,S., Wang,G., Zheng,X.H., White,T.J., Sninsky,J.J.,
            Adams,M.D. and Cargill,M.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-NOV-2003) Celera Genomics, 45 West Gude Drive,
            Rockville, MD 20850, USA
COMMENT     This sequence was made by sequencing genomic exons and ordering
            them based on alignment.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..5943
                     /organism="Homo sapiens"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:9606"
     gene            <1..>5943
                     /gene="SCN8A"
                     /locus_tag="HCM5911"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.13e-73        Length:         5943
Score:                  1230.50         Matches:        520
Percent Similarity:     36.92%          Conservative:   359
Best Local Similarity:  21.84%          Mismatches:     840
Query Match:            10.23%          Indels:         664
DB:                     9               Gaps:           83

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AY416499 (1-5943)

Qy          25 ProProGlyProArgLeuAlaArgGlyTrpThrArgArgArgMetGluArgAlaProArg 44
               ||||||||||||         :::   :::|||                     |||
Db          22 CCACCAGGCCCTGATAGTTTCAAGCCTTTCACC---------------------CCTGAG 60

Qy          45 SerArgAspSerProValAlaSerArgSerSerThrThrCysProGlyProGlyAlaAla 64
               |||      :::               :::   :::            |||      |||
Db          61 TCACTGGCAAACATTGAGAGGCGCATTGCTGAGAGCAAGCTCAAGAAACCACCAAAGGCC 120

Qy          65 GlyAlaGlySerThrGluLysAspProGlySer---------------AlaAspSerGlu 79
                              |||   |||      |||               :::|||   |||
Db         121 GATGGCAGTCATCGGGAGGACGATGAGGACAGCAAGCCCAAGCCAAACAGCGACCTGGAA 180

Qy          80 Ala------------------------------------GluGlyLeu------------ 83
               |||                                    :::||||||
Db         181 GCAGGGAAGAGTTTGCCTTTCATCTACGGGGACATCCCCCAAGGCCTGGTTGCAGTTCCC 240

Qy          84 ---------------ProTyr--------------------------------------- 85
                              ||||||
Db         241 CTGGAGGACTTTGACCCATACTATTTGACGCAGAAAACCTTTGTAGTATTAAACAGAGGG 300

Qy          86 ---------------------------ProAlaLeuAlaProValValPhePheTyrLeu 96
                                          |||||||||               :::   |||
Db         301 AAAACTCTCTTCAGATTTAGTGCCACGCCTGCCTTG---------------TACATTTTA 345

Qy          97 SerGlnAspSerArgProArgSerTrpCysLeuArgThrValCysAsnProTrpPheGlu 116
               |||      :::      |||         ::::::   :::   :::      |||
Db         346 AGTCCTTTTAACCTGATAAGAAGAATAGCTATTAAAATTTTGATACATTCATTATTTAGC 405

Qy         117 ArgValSerMetLeuValIleLeuLeuAsnCysValThrLeuGlyMetPheArgPro--- 135
                  :::   |||      ||||||   |||||||||   :::            |||
Db         406 ATGATCATTATGTGCACTATTTTGACCAACTGTGTATTCATGACTTTTAGTAACCCTCCT 465

Qy         136 ------CysGluAspIleAlaCysAspSerGlnArgCysArgIleLeuGlnAlaPheAsp 153
                        :::::::::
Db         466 GACTGGTCGAAGAATGTG------------------------------------------ 483

Qy         154 AspPheIlePhe---AlaPhePheAlaValGluMetValValLysMetValAlaLeuGly 172
```

```
               ::::::   |||         :::      |||   :::||||||::::::|||   |||
Db         484 GAGTACACGTTCACAGGGATTTATACATTTGAATCACTAGTGAAAATCATTGCAAGAGGT 543

Qy         173 IlePheGlyLysLysCys---------------TyrLeuGlyAspThrTrpAsnArgLeu 187
                              |||               :::|||   |||   ||||||   |||
Db         544 TTC------------TGCATAGATGGCTTTACCTTTTTACGGGACCCATGGAACTGGTTA 591

Qy         188 AspPhePheIleValIleAlaGlyMetLeuGluTyrSerLeuAspLeuGlnAsnValSer 207
               ||||||   :::::::::         :::         ::::::|||   ||||||
Db         592 GATTTCAGTGTCATCATGATGGCGTATATAACAGAGTTTGTAAACCTAGGCAATGTT--- 648

Qy         208 PheSerAlaValArgThrValArgValLeuArgProLeuArgAlaIleAsnArgValPro 227
                  ||||||:::||||||   ||||||||||||   |||:::   |||:::   :::|||
Db         649 ---TCAGCTCTACGCACTTTCAGGGTACTGAGGGCTTTGAAAACTATTTCGGTAATCCCA 705

Qy         228 SerMetArgIleLeuValThrLeuLeuLeuAspThrLeuProMetLeuGlyAsnValLeu 247
                  ::::::   :::|||      |||:::   ::::::      |||   :::|||:::
Db         706 GGCCTGAAGACAATTGTGGGTGCCCTGATTCAGTCTGTGAAGAAACTGTCAGATGTGATG 765

Qy         248 LeuLeuCysPhePheValPhePheIlePheGlyIleValGlyValGlnLeuTrpAlaGly 267
               :::|||      |||         :::|||   ::::::|||:::||||||:::   |||
Db         766 ATCCTGACAGTGTTCTGCCTGAGTGTTTTTGCCTTGATCGGACTGCAGCTGTTCATGGGG 825

Qy         268 LeuLeuArgAsnArgCysPheLeu---ProGluAsnPheSerLeuProLeuSerValAsp 286
                  |||||||||:::|||   :::   |||   ||||||:::
Db         826 AACCTTCGAAACAAGTGTGTTGTGTGGCCCATAAACTTCAAC------------------ 867

Qy         287 LeuGluProTyrTyrGln------ThrGluAsnGluAspGluSerProPheIleCysSer 304
                  |||   |||   :::      |||:::      |||         :::|||
Db         868 ---GAGAGCTATCTTGAAAATGGCACCAAAGGCTTTGATTGGGAAGAGTATATC------ 918

Qy         305 GlnProArgGluAsnGlyMetArgSerCysArgSerVal---------------ProThr 319
                           |||         :::      :::|||               |||
Db         919 ------------AACAATAAAACAAATTTCTACACAGTTCCTGGCATGCTGGAACCTTTA 966

Qy         320 LeuArgGlyGluGlyGlyGlyGlyProProCysSerLeuAspTyrGluThrTyrAsnSer 339
               |||   |||                     |||         |||:::
Db         967 CTCTGTGGGAACAGTTCTGATGCTGGGCAATGCCCAGAGGGATACCAG------------ 1014

Qy         340 SerSerAsnThrThrCysValAsnTrpAsnGlnTyrTyrThrAsnCysSerAlaGlyGlu 359
                                                            |||
Db        1015 ---------------------------------------------TGTATGAAAGCAGGA 1029

Qy         360 HisAsnProPheLysGlyAlaIleAsnPheAspAsnIleGlyTyrAlaTrpIleAlaIle 379
                  ||||||      |||      :::||||||         :::|||::::::|||:::
Db        1030 AGGAACCCCAACTATGGTTACACAAGTTTTGACACTTTTAGCTGGGCCTTCTTGGCATTA 1089

Qy         380 PheGlnValIleThrLeuGluGlyTrpValAspIleMetTyrPheValMetAspAlaHis 399
               |||:::::::::|||   :::   |||   ::::::            :::   |||
Db        1090 TTTCGCCTTATGACCCAGGACTATTGGGAAAACTTGTATCAATTGACTTTACGAGCAGCC 1149

Qy         400 SerPheTyrAsnPheIleTyrPheIleLeuLeuIleIleValGlySerPhePheMetIle 419
                              |||:::|||:::|||:::|||   ||||||||||||:::::::::
Db        1150 GGGAAAACATACATGATCTTCTTCGTCTTGGTCATCTTTGTGGGTTCTTTCTATCTGGTG 1209

Qy         420 AsnLeuCysLeuValValIleAlaThrGlnPheSerGluThrLysGlnArgGluSerGln 439
               ||||||   |||   |||:::|||      :::   |||
Db        1210 AACTTGATCTTGGCTGTGGTGGCCATGGCTTATGAAGAA--------------------- 1248

Qy         440 LeuMetArgGluGlnArgValArgPheLeuSerAsnAlaSerThrLeuAlaSerPheSer 459
                                                |||   :::||||||
Db        1249 ------------------------------CAGAATCAGGCAACACTGGAGGAGGCAGAA 1278

Qy         460 GluProGlySerCysTyrGluGluLeuLeuLysTyrLeuValTyrIleLeuArgLysAla 479
               :::      :::   ::::::   :::|||:::   |||               |||
Db        1279 CAAAAAGAGGCTGAATTTAAAGCAATGTTGGAGCAACTT---------------AAGAAG 1323

Qy         480 AlaArgArgLeuAlaGlnValSerArgAlaIleGlyValArgAlaGlyLeuLeuSerSer 499
                  :::      ||||||   :::   |||:::         ||||||   :::|||
Db        1324 CAACAGGAAGAGGCACAGGCTGCT---GCGATGGCCACTTCAGCAGGAACTGTCTCAGAA 1380

Qy         500 ProValAlaArgSerGlyGlnGluProGlnProSerGlySerCysThrArgSerHisArg 519
                                 :::|||   :::      |||         ||||||
Db        1381 GATGCCATAGAG------GAAGAAGGTGAAGAAGGAGGGGGCTCCCCTCGGAGCTCTTCT 1434

Qy         520 ArgLeuSerValHisHisLeuValHisHisHisHisHisHisHisHisHisTyrHisLeu 539
                  :::|||                                                |||
Db        1435 GAAATCTCT---------------------------------------------AAACTC 1449

Qy         540 GlyAsnGlyThrLeuArgValProArgAlaSerProGluIleGlnAspArg-AspAlaAs 559
                  :::                  :::::::::   |||   ::::::||| :::
Db        1450 AGCTCA------------------AAGAGTGCAAAGGAAAGACGTAACAGGAGAAAGAAG 1491

Qy         559 nGlySerArgArgLeuMetLeuProProProSerThrProThrProSer----------- 575
                ||||||:::|||      |||                     |||
Db        1492 AGGAAGCAAAAGGAACTCTCTGAAGGAGAGGAGAAAGGGGATCCCGAGAAGGTGTTTAAG 1551

Qy         576 ----------------------GlyGlyProProArgGlyAlaGluSerVal-------- 585
                                        |||   |||   |||   ::::::
Db        1552 TCAGAGTCAGAAGATGGCATGAGAAGGAAGGCCTTTCGGCTGCCAGACAACNNNNNNNNN 1611

Qy         586 -------HisSerPheTyrHisAlaAspCysHisLeuGluProValArgCysGlnAlaPr 603
                                           |||               |||      :::||
Db        1612 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTCACTGCTCAGCATCCCAGGCTCGCCCTTCCTCTCC 1671

Qy         603 o------ProProArgCysProSerGluAlaSerGlyArgThrValGlySerGlyLysVa 621
               |            |||      |||      ||||||         ||||||
Db        1672 CGCCACAACAGCAAGAGCAGCATCTTCAGTTTCAGGGGACCTGGGCGGTTCCGAGACCCG 1731

Qy         621 lTyrProThrValHisThrSerProProProGluIleLeuLysAspLysAlaLeuValGl 641
                   |||   :::   :::                  :::         |||
Db        1732 GGCTCCGAGAATGAGTTCGCGG---------------ATGACGAGCACAGCACGGTGGAG 1776

Qy         641 uValAlaProSerProGlyProProThrLeuThrSerPheAsnIleProProGlyProPh 661
                   |||   :::   |||   |||:::            :::   |||   ||||||
Db        1777 GAGAGCGAGGGCCGCCGGGACTCCCTCT------------TCATCCCCATCCGGGCCCGC 1824

Qy         661 eSerSerMetHisLysLeuLeuGluThrGlnSerThrGlyAlaCysHisSerSerCysLy 681
                |||:::                        :::|||   |||      ::::::   ::
Db        1825 GAGCGCC------------------GGAGCAGCTACAGCGGCTACAGCGGCTACAGCCAG 1866

Qy         681 sIleSerSerProCysSerLysAlaAspSerGlyAlaCysGlyPro-------------- 696
               :   ::::::|||      :::|||   |||   |||||||||
Db        1867 GGCAGCCGCTCCT------CGCGCATCTTCCCCAGCCTGCGGCGCAGCGTGAAGCGCAAC 1920

Qy         697 ----------AspSerCysProTyrCysAlaArgThrGlyAlaGlyGluProGluSerAl 713
                            :::      :::|||      :::   |||      |||   |||||
Db        1921 AGCACGGTGGACTGCAACGGCGTGGTGTCCCTCATCGGCGGCCCCGGCTCCCACATCGGC 1980

Qy         713 aAspHisValMetProAspSerAspSerGluAlaValTyrGluPheThrGlnAspAlaGl 733
               |      ::::::|||::::::   :::|||         :::
Db        1981 GGG-CGTCTCCTGCCAGAGGCTACAACTGAGGTGGAAATTAAG----------------- 2022

Qy         733 nHisSerAspLeuArgAspProHisSerArgArgArgGlnArgSerLeuGlyProAspAl 753

Db        2023 -------------------------------------------------------AAGAA 2027

Qy         753 aGluProSerSerValLeuAlaPheTrpArgLeuIleCysAspThrPheArgLys---Il 772
                   |||   |||:::|||               :::            ||||||
Db        2028 AGGCCCTGGATCTCTTTTAGTTTCCATGGACCAATTAGCCTCCTACGGGCGGAAGGACAG 2087

Qy         772 eValAspSerLysTyrPheGlyArgGlyIleMetIleAlaIleLeuValAsnThrLeu-- 791
                ::::::|||                     :::::::::::::::   |||||||||
Db        2088 AATCAACAGT---------------------ATAATGAGTGTTGTTACAAATACACTAGT 2126

Qy         791 ------------------------------------------------------------ 791

Db        2127 AGAAGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2186

Qy         791 ------------------------------------------------------------ 791

Db        2187 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2246

Qy         792 ----------------------------------------------------------Se 792

Db        2247 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2306
```

```
Qy      792 rMetGlyIleGluTyrHisGluGlnProGluGluLeuThrAsnAlaLeuGluIleSerAs 812

Db     2307 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2366

Qy      812 nIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuValTyrGlyPr 832
                |||||||||   :::|||      ||||||   |||||||||:::         ||
Db     2367 NNNNGTTTTCACTGGAATTTTCACAGCGGAAATGTTCCTGAAGCTCATAGCCATGGATCC 2426

Qy      832 oPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValValIleSerVa 852
            |:::   |||   :::      :::|||||||||||||||   ||||||   :::|||::
Db     2427 CTACTATTATTTCCAAGAAGGTTGGAACATTTTTGACGGATTTATTGTCTCCCTCAGTTT 2486

Qy      852 lTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPheArgLeuMe 872
            :   |||:::                  ||||||||||||||||||:::|||||||||
Db     2487 AATGGAACTGAGTCTAGCAGACGTGGAGGGGCTTTCAGTGCTGCGATCTTTCCGATTGNN 2546

Qy      872 tArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuValValLeuMe 892

Db     2547 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2606

Qy      892 tLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIlePheIlePh 912
                                           ::::::|||   :::   :::||||||||
Db     2607 NNNNNNNNNNNNNNNNNNGGGCAACCTGACACTGGTGCTGGCCATTATTGTCTTCATCTT 2666

Qy      912 eSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGly---------------------CysLysPheAl 925
            |:::::::::||||||   |||||||||                     ||||||
Db     2667 TGCCGTGGTGGGGATGCAACTCTTTGGAAAAAGCTACAAAGAGTGTGTCTGCAAGATCAA 2726

Qy      925 aSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeuLeuTrpAl 945
                :::   :::         ||||||   |||   :::                  ::
Db     2727 CCAGGACTGTGAA---------CTCCCT---CGCTGGCATATGCATGACTTTTTCCATTC 2774

Qy      945 aIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeuTyrAsnGl 965
            :   :::   ||||||::::::|||      |||   |||   :::   :::::::::
Db     2775 CTTCCTCATTGTCTTTCGAGTGTTGTGCGGGGAG---TGGATTGAGACCATGTGGGACTG 2831

Qy      965 yMet---AlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMetThrPheGl 984
             |||      :::      :::         :::   |||:::   :::|||      ||
Db     2832 CATGGAAGTGGCAGGCCAGGCCATGTGCCTCATTGTCTTTATGATGGTCATGGTGATTGG 2891

Qy      984 yAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPhe----------- 1000
            ||||   |||
Db     2892 CAACTTGGTGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 2951

Qy     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Db     2952 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 3011

Qy     1000 ------------------------------------------------------------ 1000

Db     3012 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGGCCCACTTTAA 3071

Qy     1001 -GlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerVa 1020
             |||   |||   |||      |||
Db     3072 GCAGCGTGAGGCTGATGAGGTGAAG----------------------------------- 3096

Qy     1020 lAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGl 1040
                                                       |||   |||      ||
Db     3097 ----------------------------------------CCTCTGGATGAGTTGTATGA 3116

Qy     1040 uLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrProMetSerHi 1060
            |   :::   :::   :::                                    :::||
Db     3117 AAAGAAGGCCAACTGTATC---------------------------------GCCAATCA 3143

Qy     1060 s-ProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArgArgThrS 1080
            | |||      :::|||||||||:::
Db     3144 CACCGGTGCAGACATCCACCGGAATG---------------------------------- 3169

Qy     1080 erSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerA 1100
                                                                    |||
Db     3170 --------------------------------------------------GTGACTTCCA 3179
```

```
Qy     1100 laArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrp------ThrSerArgA 1118
              |||   :::         |||   :::   |||::::::|||      ||||||
Db     3180 GAAGAATGGCAATGGCACAACCAGCGGCATTGGCAGCAGCGTGGAGAAGTACATCATT-G 3238

Qy     1118 rgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGlyG 1138
                          |||            |||:::|||      |||   |||
Db     3239 ATGAGGACCACATGTCCTTCATCAACAACCCCAACTTGACTGTACGGGTACCC------- 3291

Qy     1138 luArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGly------GlnGluSerGlnAspGluGluGluS 1156
                       :::      ||||||         :::            |||:::   |
Db     3292 -----------ATTGCTGTGGGCGAGTCTGACTTTGAGAACCTCAACACAGAGGATGTTA 3340

Qy     1156 erSerGluGluAspArgAlaSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuG 1176
            ||||||||   |||         |||   ||||||      :::         :::
Db     3341 GCAGCGAGTCGGAT---------CCTGAAGGCAGCAAAGATAAACTAGATGACACCAGCT 3391

Qy     1176 luArgGluAlaLysSerSerPheAspLeu---ProAspThrLeuGlnValProGlyLeuH 1195
                 |||      |||:::   |||:::   |||:::      :::||||||
Db     3392 CCTCTGAAGGA---AGCACCATTGATATCAAACCAGAAGTAGAAGAGGTCCCT------- 3441

Qy     1195 isArgThrAlaSerGlyArgSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerA 1215

Db     3441 ------------------------------------------------------------ 3441

Qy     1215 laSerGlyArgLeuAlaArgThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspA 1235
                                   :::         :::      ||||||   |||
Db     3442 -----------------------GTGGAACAGCCTGAGGAATACTTGGATCCAGATGCCT 3478

Qy     1235 spAsnAspGluGlyAsnLeuSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgL 1255
                    ||||||   :::   :::   :::
Db     3479 GCTTCACAGAAGGTTGTGTCCAGCGGTTCAAG---------------------------- 3510

Qy     1255 euProAlaCysCysArgGluArg------------------AspSerTrpSerAlaTyrI 1269
                    ||||||:::                           ||||||      :::|
Db     3511 --------TGCTGCCAGGTCAACATCGAGGAAGGGCTAGGCAAGTCTTGG------TGGA 3556

Qy     1269 lePheProProGlnSerArgPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetP 1289
            ||                     |||      |||      |||:::   |||      |
Db     3557 TC------------------CTGCGGAAAACCTGCTTCCTCATCGTGGAGCACAACTGGT 3598

Qy     1289 heAspHisValValLeuValIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgP 1309
            ||:::      ::::::   :::|||   |||:::         :::|||   |||
Db     3599 TTGAGACCTTCATCATCTTCATGATTCTGCTGAGCAGTGGCGCCCTGGCCTTCGAGGACA 3658

Qy     1309 roLysIleAspProHisSerAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheT 1329
                 |||:::               |||      |||      ::::::   :::||||
Db     3659 TCTACATTGAGCAGAGAAAGACCATCCGCACCATCCTGGAATATGCTGACAAAGTCTTCA 3718

Qy     1329 hrAlaValPheLeuAlaGluMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyG 1349
            ||   :::|||:::   ||||||   :::|||      |||   |||:::
Db     3719 CCTATATCTTCATCCTGGAGATGTTGCTCAAGTGGACAGCCTATGGCTTCGTC------- 3771

Qy     1349 luGlnAlaTyrLeuArgSerSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerV 1369
                    :::      ::::::|||      ||||||   |||:::|||
Db     3772 -----AAGTTCTTCACCAATGCCTGGTGTTGGCTGGACTTCCTCATTGTGGCTNNNNNNN 3826

Qy     1369 alIleAspIleLeuValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuA 1389

Db     3827 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 3886

Qy     1389 rgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyL 1409

Db     3887 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN---------NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 3937

Qy     1409 euLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValI 1429
                 :::||||||      |||:::   ::::::      |||   |||::::::::::
Db     3938 NNNNNGTGGTGGTGAATGCCTTGGTGGGCGCCATCCCCTCCATCATGAATGTGCTGCTGG 3997

Qy     1429 leCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysP 1449
            ::|||      |||::::::||||||   |||:::||||||   ||||||   ||||||:
Db     3998 TGTGTCTCATCTTCTGGCTGATTTTCAGCATCATGGGAGTTAACTTGTTTGCGGGAAAGT 4057

Qy     1449 hePheValCysGlnGlyGlu------------------AspThrArgAsnIleThrAsnL 1463
```

```
             ::      |||      |||                  :::      ::::::   ||||
Db      4058 ACCACTACTGCTTTAATGAGACTTCTGAAATCCGATTTGAAATTGAAGATGTCAACAATA 4117

Qy      1463 ysSerAspCysAlaGlu------------------AlaSerTyrArgTrpValArgHisL 1477
             ||::::::|||   :::                           ||||||         |
Db      4118 AAACTGAATGTGAAAAGCTTATGGAGGGGAACAATACAGAGATCAGATGGAAGAACGTGA 4177

Qy      1477 ysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysA 1497
             ||   ||||||||||||:::|||         ::::::|||      :::|||:::
Db      4178 AGATCAACTTTGACAATGTTGGGGCAGGATACCTGGCCCTTCTTCAAGTAGCAACCTTCA 4237

Qy      1497 spGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProI 1517
               ||||||:::||||||||||||      :::|||:::         |||:::||||||
Db      4238 AAGGCTGGATGGACATCATGTATGCAGCTGTAGATTCCCGGAAGCCTGATGAGCAGCCTA 4297

Qy      1517 leMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaP 1537
                        |||   :::|||   :::||||||:::   |||::::::      :::|
Db      4298 AGTATGAGGACAATATCTACATGTACATCTATTTTGTCATCTTCATCATCTTCGGCTCCT 4357

Qy      1537 hePheValLeuAsnMetPheValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnH 1557
             |||||   ||||||:::|||:::||||||:::::::::||||||::::::   ::::::
Db      4358 TCTTCACCCTGAACCTGTTCATTGGTGTCATCATTGATAACTTCAATCAACAAAAGAAAA 4417

Qy      1557 isGlnGluGluGluGluAla---ArgArgArgGluGluLysArgLeuArgArgLeuGluL 1576
                        ::::::               |||:::|||:::               |
Db      4418 AGTTCGGAGGTCAGGACATCTTCATGACCGAAGAACAGAAGAAGTACTACAATGCCATGA 4477

Qy      1576 ysLysArgArgSerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerA 1596
             |||||      ||||||:::   |||                  ||||||
Db      4478 AAAAGCTGGGCTCAAAGAAGCCACAG------------------AAACCCATTCCCCGCC 4519

Qy      1596 spTyrSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuP 1616
                  ::::::   :::   :::|||            |||            |||:::
Db      4520 CCTTGAACAAAATCCAAGGAATCGTCTTTGATTTTGTCACTCAGCAAGCCTTTGACATTG 4579

Qy      1616 heIleThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnP 1636
               |||      :::|||   ||||||:::|||||||||   :::|||         |||
Db      4580 TTATCATGATGCTCATCTGCCTTAACATGGTGACAATGATGGTGGAGACAGACACTCAAA 4639

Qy      1636 roGlnIleLeuAspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValP 1656
               :::   ::::::      |||         |||   :::|||   :::   |||
Db      4640 GCAAGCAGATGGAGAACATCCTCTACTGGATTAACCTGGTGTTTGTTATCTTCTTCACCT 4699

Qy      1656 heGluSerValPheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArg---PhePheGlnAspArgT 1675
               |||   |||   |||:::      ||||||   |||      :::|||         |
Db      4700 GTGAGTGTGTGCTCAAAATG------TTTGCGTTGAGGCACTACTACTTCACCATTGGCT 4753

Qy      1675 rpAsnGlnLeuAspLeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluI 1695
             |||||      |||      :::|||:::|||||||||:::|||:::   |||   :::|
Db      4754 GGAACATCTTCGACTTCGTGGTAGTCATCCTCTCCATTGTGGGAATGTTCCTGGCAGATA 4813

Qy      1695 leGluValAsnLeuSerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuA 1715
             ||                     ::::::||||||:::   |||::::::|||:::   |
Db      4814 TAATTGAGAAATACTTT------GTTTCCCCAACCCTATTCCGAGTCATCCGATTGGCCC 4867

Qy      1715 rgIleAlaArgValLeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisT 1735
             |||||   |||:::|||:::|||:::|||   |||   |||:::|||   ||||||
Db      4868 GTATTGGGCGCATCTTGCGTCTGATCAAAGGCGCCAAAGGGATTCGTACCCTGCTCTTTG 4927

Qy      1735 hrValMetGlnAlaLeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPheP 1755
               :::|||   :::||||||   :::   |||:::|||||||||      |||:::   |
Db      4928 CCTTAATGATGTCCTTGCCTGCCCTGTTCAACATCGGCCTTCTGCTCTTCCTGGTCATGT 4987

Qy      1755 heIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisP 1775
             ||||||||:::      |||:::      |||      ::::::   :::
Db      4988 TCATCTTCTCCATTTTTGGGATGTCCAATTTTGCATATGTGAAGCACGAG---------- 5037

Qy      1775 roCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrL 1795
                     |||:::               |||      ||||||   :::   :::   |
Db      5038 -----GCTGGTATCGATGACATGTTCAACTTTGAGACATTTGGCAACAGCATGATCTGCC 5092

Qy      1795 euPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMet---------------LysA 1810
             |||||:::::::::|||         |||:::|||::::::               :::
Db      5093 TGTTTCAAATCACAACCTCAGCTGGTTGGGATGGCCTGCTGCTGCCCATCCTAAACCGCC 5152

Qy      1810 spProSerArgAspCysAspGlnGlu---------------------SerThrCysTyrA 1823
               |||            |||:::|||                           |||   |
Db      5153 CCCCTGACTGCAGCCTAGATAAGGAACACCCAGGGAGTGGCTTTAAGGGAGATTGTGGGA 5212

Qy      1823 snThrValIleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuV 1843
             ||      :::         :::|||||||||:::::::::   :::      ::::::|
Db      5213 ACCCCTCAGTGGGCATCTTCTTCTTTGTAAGCTACATCATCATCTCTTTCCTAATTGTCG 5272

Qy      1843 alAsnValValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysG 1863
             |||||:::   ||||||:::::::::::::::         :::   :::|||:::   :
Db      5273 TGAACATGTACATTGCCATCATCCTGGAGAACTTCAGTGTAGCCACAGAGGAAAGTGCAG 5332

Qy      1863 lu---------GluAlaGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerP 1880
             ::         |||   :::   |||         |||
Db      5333 ACCCTCTGAGTGAGGATGACTTTGAGACCTTCTATGAG---------------------- 5370

Qy      1880 roGlnProHisSerProLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnS 1900
                                             :::|||         :::
Db      5371 --------------------------------ATCTGGGAGAAGTTCGAC---------- 5388

Qy      1900 erThrAspSerProLysProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGly---------- 1916
                                       |||      |||      |||
Db      5389 --------------------------CCCGATGCCACCCAGTTCATTGAGTACTGTAAGC 5422

Qy      1917 --AlaAlaSerGlyPheSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValP 1936
               |||            :::||||||||||||      ||||||   |||      :::
Db      5423 TGGCAGACTTTGCAGATGCCTTGGAGCATCCTCTCCGAGTGCCCAAGCCAAATACCATTG 5482

Qy      1936 roValProLeuGlyProAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisS 1956
               :::   :::      ||||||      |||      ||||||      |||   |||
Db      5483 AGCTC---ATCGCTATGGATCTGCCAATGGTG------AGCGGG---GATCGCATCCACT 5530

Qy      1956 erLeuProAsnAspSerTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyH 1976
               |||      |||                     :::      :::|||   ||||||
Db      5531 GCTTG------GACATCCTTTTT------------GCCTTCACCAAGCGGGTCCTGGGAG 5572

Qy      1976 isArgGlyTrpGlyLeuProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnP 1996
                  |||                                 |||   :::      |||
Db      5573 ATAGCGGG------------------------------GAGTTGGACATCCTGCGGCAGC 5602

Qy      1996 roAlaAspThrSerCysIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProH 2016
                  :::         :::         |||      |||   |||
Db      5603 AGATGGAAGAGCGGTTCGTGGCATCCAATCCTTCCAAAGTGTCTTAC------------- 5649

Qy      2016 isGlyAlaProThrTrpGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuA 2036
                                                                  |||:::
Db      5650 --------------------------------------------------GAGCCAATCA 5659

Qy      2036 laGlnArgProLeuArgArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyL 2056
                           |||:::|||
Db      5660 CAACCACACTGCGTCGCAAGCAG------------------------------------- 5682

Qy      2056 euGlySerArgGluAspLeuLeuSerGluValSerGlyPro-SerCysProLeuThrArg 2075
                                       |||||||||       ||||||   :::
Db      5683 -----------------------GAGGAGGTATCTGCAGTGGTCCTGCAGCGTGCCT--- 5716

Qy      2076 SerSerSerPheTrpGlyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSerGlyIleGlnSer 2095
             :::         |||   |||   :::         :::::::::      |||
Db      5717 ACCGGGGACATTTGGCAAGGCGGGGCTTCATCTGCAAAAAGACAACTTCTAATAAGCTGG 5776

Qy      2096 LysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAla 2115
             ::::::      |||                     |||   |||:::
Db      5777 AGAATGGAGGCACACACCGGGAGAAAAAAGAGAGCACCCCATCTACAG------------ 5824

Qy      2116 LysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSer 2135
                   ||||||            ::::::   |||:::   :::            |||
Db      5825 ------CCTCCCTCCCGTCCTATGACAGTGTAACTAAACCTGAAAAGGAGAAACAGCAGC 5878

Qy      2136 GlyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLys 2154
             |||                  :::||||||         |||:::|||   |||:::
Db      5879 GGG------------CAGAGGAAGGAAGAAGGGAAAGAGCCAAAAGACAAAAAGAGG 5923
```

```
RESULT 11
CF745071
LOCUS       CF745071                 715 bp    mRNA    linear   EST 10-OCT-2003
DEFINITION  UI-M-GV0-clu-p-15-0-UI.r1 NIH_BMAP_GV0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:30622742 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF745071
VERSION     CF745071.1  GI:37641411
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 715)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. James Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: Distribution information can be found at
            http://genome.uiowa.edu/distribution/mousefl.html
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .715
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:30622742"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="1,5, and 15 days newborn"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_GV0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel.First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction,ligated with
                     EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is CGAACTGAAT. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              6.63e-73     Length:        715
Score:                  1198.00      Matches:       233
Percent Similarity:     98.73%       Conservative:  1
Best Local Similarity:  98.31%       Mismatches:    3
Query Match:            9.96%        Indels:        0
DB:                     7            Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x CF745071 (1-715)

Qy        918 HisLeuPheGlyCysLysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLys 937
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          3 CACCTTTTTGGTTGCAAGTTCGCATCTGAACGGGATGGGGACACGTTGCCAGACCGGAAG 62

Qy        938 AsnPheAspSerLeuLeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAsp 957
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         63 AATTTTGACTCCCTGCTCTGGGCCATTGTCACTGTCTTTCAGATTCTGACTCAGGAAGAC 122

Qy        958 TrpAsnLysValLeuTyrAsnGlyMetAlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPhe 977
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        123 TGGAATAAAGTCCTTTACAACGGCATGGCCTCCACGTCATCTTGGGCTGCTCTTTACTTC 182

Qy        978 IleAlaLeuMetThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuVal 997
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        183 ATCGCCCTCATGACTTTTGGCAACTACGTGCTCTTTAACCTGCTTGTCGCCATTCTCGTG 242

Qy        998 GluGlyPheGlnAlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSer 1017
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        243 GAGGGTTTCCAGGCAGAGGGAGATGCCACCAAGTCTGAGTCAGAGCCTGATTTCTTTTCG 302

Qy       1018 ProSerValAspGlyAspGlyAspArgLysLysArgLeuAlaLeuValAlaLeuGlyGlu 1037
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        303 CCCAGTGTGGATGGTGATGGGGACAGGAAGAAGCGCTTGGCCCTGGTGGCCTTGGGAGAA 362

Qy       1038 HisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIleHisThrAlaAlaThrPro 1057
              |||:::||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        363 CACTCGGAACTACGAAAGAGCCTTTTGCCACCTCTCATCATCCACACAGCTGCTACACCG 422

Qy       1058 MetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAlaLeuGlySerGlySerArg 1077
              ||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        423 ATGTCACTGCCCAAGAGCTCCAGCACAGGTGTGGGGGAAGCACTGGGCTCTGGCTCTCGC 482

Qy       1078 ArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGlyAlaAlaHisHisGluMetLysCysPro 1097
              |||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   |||
Db        483 CGCACCAGTAGCAGTGGGTCCGCTGAGCCTGGAACTGCCCATCATGAGATGAAATCACCG 542

Qy       1098 ProSerAlaArgSerSerProHisSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArg 1117
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        543 CCAAGTGCCCGAAGCTCCCCGCACAGTCCCTGGAGCGCAGCAAGCAGCTGGACCAGCAGG 602

Qy       1118 ArgSerSerArgAsnSerLeuGlyArgAlaProSerLeuLysArgArgSerProSerGly 1137
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        603 CGCTCCAGCCGGAACAGCCTGGGCCGGGCCCCCAGCCTGAAGCGTAGGAGCCCAAGCGGG 662

Qy       1138 GluArgArgSerLeuLeuSerGlyGluGlyGlnGluSerGlnAspGluGlu 1154
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        663 GAGCGGAGGTCCCTGCTGTCTGGAGAGGGTCAGGAGAGCCAGGATGAGGAG 713

RESULT 12
BU709095
LOCUS       BU709095                 810 bp    mRNA    linear   EST 15-JUL-2003
DEFINITION  UI-M-EW0-caz-e-20-0-UI.r1 NIH_BMAP_EW0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6419323 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU709095
VERSION     BU709095.1  GI:23642225
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 810)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. James Lin, Univeristy of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
             This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
            (BMAP)
            Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .810
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
```

```
                    /strain="C57BL/6"
                    /db_xref="taxon:10090"
                    /clone="IMAGE:6419323"
                    /tissue_type="whole brain"
                    /dev_stage="embryo 15.5 dpc"
                    /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                    /clone_lib="NIH_BMAP_EW0"
                    /note="Organ: brain; Vector: pYX-Asc; Site_1: EcoR I;
                    Site_2: Not I; The library was constructed according to
                    Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                    1996. Denatured mRNA was size fractionated on a 1% agarose
                    gel. First strand cDNA synthesis was primed with an
                    oligo-dT primer containing a Not I site.  Double stranded
                    cDNA was size selected according to mRNA size fraction,
                    ligated with EcoR I adaptor, digested with Not I, and then
                    cloned directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                    sequence located between the Not I site and the polyA
                    tail, is GTGCGTGGAA. This library was created for the
                    University of Iowa Mouse Brain Molecular Anatomy Project
                    (BMAP): 'Gene Discovery in the Developing Mouse Nervous
                    System', supported by National Instutetes of Mental Health
                    (NIMH), Hemin Chin, Ph.D., program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              9.53e-73        Length:         810
Score:                  1197.00         Matches:        246
Percent Similarity:     91.51%          Conservative:   2
Best Local Similarity:  90.77%          Mismatches:     11
Query Match:            9.95%           Indels:         15
DB:                     5               Gaps:           1

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BU709095 (1-810)

Qy       1369 ValIleAspIleLeu-ValSerMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLe 1388
              ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db          1 GTCATCGACATCCTGTGTGTCCATGGTCTCTGACAGCGGCACCAAGATTCTCGGCATGCT 60

Qy       1388 uArgValLeuArgLeuLeuArgThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGl 1408
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         61 GAGGGTGCTGCGGCTGCTGCGGACCCTACGTCCACTCAGGGTCATCAGCCGGGCCCAGGG 120

Qy       1408 yLeuLysLeuValValGluThrLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValVa 1428
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        121 GCTGAAGCTGGTGGTAGAGACTCTGATGTCATCCCTCAAACCCATTGGCAACATTGTGGT 180

Qy       1428 lIleCysCysAlaPhePheIleIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLy 1448
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        181 CATCTGCTGTGCCTTCTTCATCATTTTTGGAATTCTTGGGGTGCAGCTCTTCAAAGGGAA 240

Qy       1448 sPhePheValCysGlnGlyGluAspThrArgAsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGl 1468
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        241 GTTCTTCGTGTGTCAGGGTGAGGACACCAGGAACATCACTAACAAGTCCGACTGTGCTGA 300

Qy       1468 uAlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLeuGlyGlnAlaLeuMe 1488
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        301 GGCCAGTTACCGGTGGGTCCGGCACAAGTACAACTTTGACAACCTGGGCCAGGCTCTGAT 360

Qy       1488 tSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMetTyrAspGlyLeuAs 1508
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        361 GTCCCTGTTTGTGCTGGCCTCCAAGGATGGCTGGGTTGACATCATGTATGATGGACTGGA 420

Qy       1508 pAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTrpMetLeuLeuTyrPh 1528
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        421 TGCTGTGGGAGTGGACCAGCAGCCCATCATGAACCACAACCCTTGGATGCTGCTCTACTT 480

Qy       1528 eIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPheValGlyValValVa 1548
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        481 CATCTCCTTCCTCCTCATCGTGGCCTTCTTCGTCCTGAACATGTTTGTGGGCGTGGTGGT 540

Qy       1548 lGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAlaArgArgArgGluGl 1568
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        541 GGAGAACTTCCATAAGTGCAGGCAGCACCAAGAGGAGGAGGAGGCGCGGCGGCGGGAGGA 600
```

```
Qy       1568 uLysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArg-------------------------- 1579
              ||||||||||:::|||||||||||||||||||||
Db        601 GAAGCGACTAAAGAGGCTGGAGAAAAAGAGAAGGAATCTAATGTTGGACGATGTAATTGC 660

Qy       1580 -------SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTy 1597
                     |||               :::||||||||||||   |||||||||||||||||
Db        661 TTCCGGCAGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCANACCCTACTACTCTGACTA 720

Qy       1597 rSerArgPheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIl 1617
              ||||||||||||||||         ||||||||||||   |||||||||   ||||||||
Db        721 CTCGCGCTTCCGGCTCCC-TCGTCACACCTGTGTACAGC-CACTACCTGNA-CTCTTCAT 777

Qy       1617 eThrGlyValIleGlyLeuAsnValValThr 1627
              |||||||||||||||||||||||||||||||
Db        778 CACTGGTGTCATCGGGCTGAATGTGGTCACG 808

RESULT 13
CF584866
LOCUS       CF584866                 952 bp    mRNA    linear   EST 24-SEP-2003
DEFINITION  AGENCOURT_11360281_updated NIH_MGC_137 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6431076 5', mRNA sequence.
ACCESSION   CF584866
VERSION     CF584866.1  GI:35198128
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 952)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Daniela S. Gerhard, Ph.D.
            Office of Cancer Genomics
            National Cancer Institute / NIH
            Bldg. 31 Rm10A07 Bethesda, MD 20892
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Gerard Gradwohl (PNAS 97 P1607-1611, 2000)
             cDNA Library Preparation: Catherine Lee, Endocrine Pancreas
            Consortium
             cDNA Library Arrayed by: The I.M.A.G.E. Consortium (LLNL)
             DNA Sequencing by: Agencourt Bioscience Corporation
             Clone distribution: MGC clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            http://image.llnl.gov
            Plate: IRBD12  row: f  column: 01
            High quality sequence start: 15
            High quality sequence stop: 571.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..952
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6431076"
                     /lab_host="DH10B"
                     /clone_lib="NIH_MGC_137"
                     /note="Organ: pancreas; Vector: pSPORT1; Site_1: SalI;
                     Site_2: NotI; Library consists of a pool of clones
                     rearrayed from the following libraries: Melton normalized
                     mixed mouse pancreas 1 N1-MMS1, Amplified Melton mouse
                     islets 1 MIS1-A, and Kaestner ngn3 wt. Clones rearrayed in
                     the laboratory of K. Kaestner (University of
                     Pennsylvania). Note: this is a NIH_MGC Library."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              1.57e-72        Length:         952
Score:                  1195.50         Matches:        250
Percent Similarity:     81.88%          Conservative:   3
Best Local Similarity:  80.91%          Mismatches:     31
Query Match:            9.94%           Indels:         25
DB:                     7               Gaps:           7
```

```
US-09-611-257A-24 (1-2287) x CF584866 (1-952)

Qy       1746 LeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLeuGlyValGluLeuPhe 1765
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         34 CTGGGACTTCTCTTCATGCTATTATTTTTCATCTTTGCAGCTCTGGGCGTGGAGCTCTTT 93

Qy       1766 GlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGlyArgHisAlaThrPhe 1785
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         94 GGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTGGGCCGGCATGCCACCTTT 153

Qy       1786 ArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerThrGlyAspAsnTrpAsn 1805
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        154 AGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCCACTGGTGACAACTGGAAT 213

Qy       1806 GlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSerThrCysTyrAsnThrVal 1825
              |||||||||||||||      |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        214 GGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGACCAGGAGTCCACCTGCTACAACACCGTC 273

Qy       1826 IleSerProIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnVal 1845
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        274 ATCTCACCCATCTACTTCGTGTCCTTCGTGCTGACGGCCCAGTTTGTGCTGGTCAACGTG 333

Qy       1846 ValIleAlaValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGluGluAla 1865
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        334 GTCATAGCCGTGCTGATGAAGCACCTGGAAGAGAGCAACAAAGAGGCCAAGGAGGAGGCG 393

Qy       1866 GluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPro 1885
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        394 GAGTTGGAGGCGGAGCTGGAGCTAGAGATGAAGACACTCAGCCCGCAGCCCCACTCCCCG 453

Qy       1886 LeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLys 1905
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||
Db        454 CTGGGCAGCCCCTTCCTCTGGCCTGGGGTGGAAGGTGTCAATAGCCCTGACAGCCCTAAG 513

Qy       1906 ProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGlyAlaAla---SerGlyPheSerLeuGlu 1924
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||
Db        514 CCTGGGGCTCCACACACCACGGCCCACATTGGAGCAGCCTCTTCAGGCTTCTCCCTTGAG 573

Qy       1925 HisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyProAspLeuLeu 1944
              |||||||||||||||||||||   ||||||   ||||||||||||   ||||||||||||
Db        574 CACCCCACGATGGTACCTCACACTGAGGAGGGGCCAGTCCCCCTAAGACCAGACCTGCTG 633

Qy       1945 ThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSerTyrMetCys 1964
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        634 ACTGTGAGGAAGTCTGGTGTCAGCCGGACACACTCTCTGCCCAATGACAGCTACATGTGC 693

Qy       1965 ArgAsn-GlySerThrAla-GluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLeu---ProL 1983
              |||||| ||||||   ||| ||||||||||||   |||:::|||   |||      ||||
Db        694 CGCAATGGGGAGCCCTGCCCGAGAGATCCCTAAGACACAAGGGGCTGGGGGCCTCCCCAA 753

Qy       1983 ysAlaGlnSerGly---SerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCysI 2002
              ||||||||||||||               |||||||||               :::
Db        754 AAGCCCAGTCAGGGCTCCAATCTTGTCCTGTTCACTCCCCAACCAAGCAGAACAAC---- 809

Qy       2002 leLeuGlnLeu-----------------ProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProH 2016
                   ||||||                  ||||||:::            |||
Db        810 -----CAGCTGGCATTCTAAAAGCTTTCCCCAAAAAATGCCCAA------CTATCTGGGT 858

Qy       2016 isGlyAlaProThrTrpGlyAlaIlePro-------------------------LysL 2027
                   ||||||   |||||||||   |||                           ||||
Db        859 TCCCAGCCCCTCCTTGGGGGGCGTCCCCACCCTGGGGGGGCGCCCTACCCCTCTAAAAAC 918

Qy       2027 euProProProGlyArgSerPro 2034
              ||   ||||||         |||
Db        919 TAACCCCCCCCACCTTGGGGCCC 941

RESULT 14
AK083220
LOCUS       AK083220                 4675 bp    mRNA    linear   HTC 03-APR-2004
DEFINITION  Mus musculus adult male hippocampus cDNA, RIKEN full-length
            enriched library, clone:C630029C19 product:sodium channel,
            voltage-gated, type VIII, alpha polypeptide, full insert sequence.
```

```
ACCESSION   AK083220
VERSION     AK083220.1  GI:26101130
KEYWORDS    HTC; CAP trapper.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Carninci,P. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     High-efficiency full-length cDNA cloning
  JOURNAL   Meth. Enzymol. 303, 19-44 (1999)
  MEDLINE   99279253
   PUBMED   10349636
REFERENCE   2
  AUTHORS   Carninci,P., Shibata,Y., Hayatsu,N., Sugahara,Y., Shibata,K.,
            Itoh,M., Konno,H., Okazaki,Y., Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Normalization and subtraction of cap-trapper-selected cDNAs to
            prepare full-length cDNA libraries for rapid discovery of new genes
  JOURNAL   Genome Res. 10 (10), 1617-1630 (2000)
  MEDLINE   20499374
   PUBMED   11042159
REFERENCE   3
  AUTHORS   Shibata,K., Itoh,M., Aizawa,K., Nagaoka,S., Sasaki,N., Carninci,P.,
            Konno,H., Akiyama,J., Nishi,K., Kitsunai,T., Tashiro,H., Itoh,M.,
            Sumi,N., Ishii,Y., Nakamura,S., Hazama,M., Nishine,T., Harada,A.,
            Yamamoto,R., Matsumoto,H., Sakaguchi,S., Ikegami,T., Kashiwagi,K.,
            Fujiwake,S., Inoue,K., Togawa,Y., Izawa,M., Ohara,E., Watahiki,M.,
            Yoneda,Y., Ishikawa,T., Ozawa,K., Tanaka,T., Matsuura,S., Kawai,J.,
            Okazaki,Y., Muramatsu,M., Inoue,Y., Kira,A. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     RIKEN integrated sequence analysis (RISA) system--384-format
            sequencing pipeline with 384 multicapillary sequencer
  JOURNAL   Genome Res. 10 (11), 1757-1771 (2000)
  MEDLINE   20530913
   PUBMED   11076861
REFERENCE   4
  AUTHORS   The RIKEN Genome Exploration Research Group Phase II Team and the
            FANTOM Consortium.
  TITLE     Functional annotation of a full-length mouse cDNA collection
  JOURNAL   Nature 409, 685-690 (2001)
REFERENCE   5
  AUTHORS   The FANTOM Consortium and the RIKEN Genome Exploration Research
            Group Phase I & II Team.
  TITLE     Analysis of the mouse transcriptome based on functional annotation
            of 60,770 full-length cDNAs
  JOURNAL   Nature 420, 563-573 (2002)
REFERENCE   6  (bases 1 to 4675)
  AUTHORS   Adachi,J., Aizawa,K., Akimura,T., Arakawa,T., Bono,H., Carninci,P.,
            Fukuda,S., Furuno,M., Hanagaki,T., Hara,A., Hashizume,W.,
            Hayashida,K., Hayatsu,N., Hiramoto,K., Hiraoka,T., Hirozane,T.,
            Hori,F., Imotani,K., Ishii,Y., Itoh,M., Kagawa,I., Kasukawa,T.,
            Katoh,H., Kawai,J., Kojima,Y., Kondo,S., Konno,H., Kouda,M.,
            Koya,S., Kurihara,C., Matsuyama,T., Miyazaki,A., Murata,M.,
            Nakamura,M., Nishi,K., Nomura,K., Numazaki,R., Ohno,M., Ohsato,N.,
            Okazaki,Y., Saito,R., Saitoh,H., Sakai,C., Sakai,K., Sakazume,N.,
            Sano,H., Sasaki,D., Shibata,K., Shinagawa,A., Shiraki,T.,
            Sogabe,Y., Tagami,M., Tagawa,A., Takahashi,F., Takaku-Akahira,S.,
            Takeda,Y., Tanaka,T., Tomaru,A., Toya,T., Yasunishi,A.,
            Muramatsu,M. and Hayashizaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-APR-2002) Yoshihide Hayashizaki, The Institute of
            Physical and Chemical Research (RIKEN), Laboratory for Genome
            Exploration Research Group, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC),
            RIKEN Yokohama Institute; 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama,
            Kanagawa 230-0045, Japan (E-mail:genome-res@gsc.riken.jp,
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/, Tel:81-45-503-9222,
            Fax:81-45-503-9216)
COMMENT     cDNA library was prepared and sequenced in Mouse Genome
            Encyclopedia Project of Genome Exploration Research Group in Riken
            Genomic Sciences Center and Genome Science Laboratory in RIKEN.
            Division of Experimental Animal Research in Riken contributed to
            prepare mouse tissues.
            Please visit our web site for further details.
            URL:http://genome.gsc.riken.jp/
```

```
              URL:http://fantom.gsc.riken.jp/.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..4675
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6J"
                     /db_xref="FANTOM_DB:C630029C19"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="C630029C19"
                     /sex="male"
                     /tissue_type="hippocampus"
                     /clone_lib="RIKEN full-length enriched mouse cDNA library"
                     /dev_stage="adult"
     misc_feature    <1..3589
                     /note="putative
                     sodium channel, voltage-gated, type VIII, alpha
                     polypeptide (MGD|MGI:103169, GB|NM_011323, evidence:
                     BLASTN, 99%, match=3589)"
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:                 4.62e-71       Length:        4675
Score:                     1190.50        Matches:       407
Percent Similarity:        43.22%         Conservative:  265
Best Local Similarity:     26.17%         Mismatches:    537
Query Match:               9.90%          Indels:        349
DB:                        3              Gaps:          55

US-09-611-257A-24 (1-2287) x AK083220 (1-4675)

Qy     810 IleSerAsnIleValPheThrSerLeuPheAlaLeuGluMetLeuLeuLysLeuLeuVal 829
           :::   |||:::|||||||||   :::|||      ||||||   |||||||||:::
Db       4 GTAGGGAACCTGGTGTTCACTGGGATCTTCACGGCGGAAATGTTCCTGAAGCTCATAGCC 63

Qy     830 TyrGlyProPheGlyTyrIleLysAsnProTyrAsnIlePheAspGlyValIleValVal 849
                 |||:::   |||   :::      :::|||||||||||||||   ||||||
Db      64 ATGGATCCCTACTATTACTTCCAAGAAGGCTGGAACATTTTTGACGGATTTATCGTCTCC 123

Qy     850 IleSerValTrpGluIleValGlyGlnGlnGlyGlyGlyLeuSerValLeuArgThrPhe 869
           :::|||:::   |||:::                  ||||||||||||||||||:::|||
Db     124 CTCAGTTTAATGGAGCTGGGCCTTGCAGACGTGGAGGGGCTCTCAGTGCTGCGATCTTTC 183

Qy     870 ArgLeuMetArgValLeuLysLeuValArgPheLeuProAlaLeuGlnArgGlnLeuVal 889
           ||||||:::||||||   ||||||   :::      |||   |||         :::
Db     184 CGATTGCTCCGAGTCTTCAAATTGGCCAAGTCCTGGCCCACCCTGAACATGCTGATCAAG 243

Qy     890 ValLeuMetLysThrMetAspAsnValAlaThrPheCysMetLeuLeuMetLeuPheIle 909
           ::::::      ::::::      :::            ::::::|||   :::   :::
Db     244 ATCATTGGGAACTCCGTTGGCGCCCTGGGCAACCTGACCCTGGTGCTGGCCATCATTGTC 303

Qy     910 PheIlePheSerIleLeuGlyMetHisLeuPheGly---------------------Cys 922
           |||||||||:::::::::||||||   |||||||||                     |||
Db     304 TTCATCTTTGCCGTGGTGGGGATGCAGCTCTTTGGAAAGAGCTACAAGGAGTGCGTCTGT 363

Qy     923 LysPheAlaSerGluArgAspGlyAspThrLeuProAspArgLysAsnPheAspSerLeu 942
           |||   :::   |||               ||||||   |||   :::   :::
Db     364 AAGATCAGCCAGGAG---------TGCAAGCTCCCG---CGCTGGCACATGAACGACTTC 411

Qy     943 LeuTrpAlaIleValThrValPheGlnIleLeuThrGlnGluAspTrpAsnLysValLeu 962
                 :::   :::   ||||||::::::|||      |||   |||   :::   :::
Db     412 TTCCACTCCTTCCTCATCGTCTTCCGAGTGCTGTGTGGGGAG---TGGATCGAGACCATG 468

Qy     963 TyrAsnGlyMet---AlaSerThrSerSerTrpAlaAlaLeuTyrPheIleAlaLeuMet 981
           ::::::   |||      :::      :::         :::   |||:::   :::|||
Db     469 TGGGATTGCATGGAAGTGGCCGGCCAGGCCATGTGCCTTATCGTGTTCATGATGGTCATG 528

Qy     982 ThrPheGlyAsnTyrValLeuPheAsnLeuLeuValAlaIleLeuValGluGlyPheGln 1001
                 ||||||   |||:::   ||||||   :::|||:::|||:::      |||
Db     529 GTCATCGGCAACCTGGTGGTGCTGAACTTATTTCTGGCCTTGCTTCTGAGCTCCTTCAGC 588

Qy    1002 AlaGluGlyAspAlaThrLysSerGluSerGluProAspPhePheSerProSerValAsp 1021
           |||:::      |||                                    :::   |||
Db     589 GCAGACAATCTGGCG------------------------------------GCCACGGAC 612
```

```
Qy    1022 GlyAspGlyAspArg------------------------------LysLysArgLeuAla 1031
              ||||||:::                                 ||||||   :::|||
Db     613 GACGACGGGGAAATGAACAACCTGCAGATATCGGTGATCCGGATCAAGAAGGGCGTGGCC 672

Qy    1032 LeuValAlaLeuGlyGluHisAlaGluLeuArgLysSerLeuLeuProProLeuIleIle 1051
                    :::      ||||||   ::::::
Db     673 TGGGCCAAAGTGAAGGTGCATGCCTTCATGCAG--------------------------- 705

Qy    1052 HisThrAlaAlaThrProMetSerHisProLysSerSerSerThrGlyValGlyGluAla 1071
                                :::|||   |||                     :::
Db     706 ---------------------GCACACTTCAAGCAACGGGAGGCTGATGAAGTGAAACCT 744

Qy    1072 LeuGly-SerGlySerArgArgThrSerSerSerGlySerAlaGluProGly-------- 1088
           |||    |||      ||||||      ::::::            |||
Db     745 TTAGACGAGCTGTATGAGAAGAAGGCCAACTGCATCGCCAACCACACCGGCGTGGACATT 804

Qy    1089 ----------AlaAlaHisHisGluMetLysCysProProSerAlaArgSerSerProHi 1105
                     |||         :::|||:::      |||   |||   |||
Db     805 CACAGGAACGGCGACTTCCAGAAAAATGGAAATGGCACCACTAGCGGCATCG-------- 856

Qy    1105 sSerProTrpSerAlaAlaSerSerTrpThrSerArgArgSerSerArgAsnSerLeuGl 1125
                           |||::::::|||   |||      |||:::|||   :::
Db     857 ----------------GCAGCAGCGTGGAGAAGTACATCATCGACGAGGACCACA----- 895

Qy    1125 yArgAlaProSerLeuLysArgArgSer---ProSerGlyGluArgArgSerLeuLeuSe 1144
                  |||||||||      ::::::   |||   |||            ||||||
Db     896 ----TGTCCTTCATTAACAACCCAAACCTGACCGTGCGGG------TGCCCATTGCTGTG 945

Qy    1144 rGlyGluGly------GlnGluSerGlnAspGluGluGluSerSerGluGluAspArgAl 1162
            ||||||         :::            |||:::   |||||||||   |||
Db     946 -GGCGAGTCTGATTTCGAGAACCTCAACACAGAGGATGTTAGCAGCGAGTCAGAC----- 999

Qy    1162 aSerProAlaGlySerAspHisArgHisArgGlySerLeuGluArgGluAlaLysSerSe 1182
               |||   ||||||      :::         :::         |||      |||::
Db    1000 ----CCCGAAGGCAGCAAAGACAAACTGGACGATACCAGCTCCTCAGAAGGG---AGTAC 1052

Qy    1182 rPheAspLeu---ProAspThrLeuGlnValProGlyLeuHisArgThrAlaSerGlyAr 1201
           :   |||:::   |||:::      :::||||||
Db    1053 CATCGACATCAAGCCTGAGGTGGAAGAAGTCCCA-------------------------- 1086

Qy    1201 gSerSerAlaSerGluHisGlnAspCysAsnGlyLysSerAlaSerGlyArgLeuAlaAr 1221

Db    1086 ------------------------------------------------------------ 1086

Qy    1221 gThrLeuArgThrAspAspProGlnLeuAspGlyAspAspAspAsnAspGluGlyAsnLe 1241
               :::         :::      ||||||   |||            ||||||   ::
Db    1087 ----GTGGAGCAGCCTGAGGAATACTTGGATCCAGACGCCTGCTTCACGGAGGGTTGTGT 1142

Qy    1241 uSerLysGlyGluArgIleGlnAlaTrpValArgSerArgLeuProAlaCysCysArgGl 1261
           :   :::   :::                                    ||||||:::
Db    1143 CCAGAGGTTCAAG------------------------------------TGCTGCCAGGT 1166

Qy    1261 uArg------------------AspSerTrpSerAlaTyrIlePheProProGlnSerAr 1275
                                    ||||||      :::|||
Db    1167 CAACATCGAGGAAGGACTAGGCAAGTCGTGG------TGGATC----------------- 1203

Qy    1275 gPheArgLeuLeuCysHisArgIleIleThrHisLysMetPheAspHisValValLeuVa 1295
               |||      |||      |||:::   |||      |||:::      ::::::
Db    1204 -CTGCGGAAAACCTGCTTCCTCATTGTGGAGCACAATTGGTTTGAGACCTTCATCATTTT 1262

Qy    1295 lIleIlePheLeuAsnCysIleThrIleAlaMetGluArgProLysIleAspProHisSe 1315
            :::|||   |||:::         :::|||   |||         |||:::
Db    1263 CATGATTCTCCTCAGCAGTGGAGCCCTGGCCTTCGAGGACATCTACATTGAGCAGAGGAA 1322

Qy    1315 rAlaGluArgIlePheLeuThrLeuSerAsnTyrIlePheThrAlaValPheLeuAlaGl 1335
                  |||      |||      ::::::   :::||||||   :::|||:::   ||
Db    1323 GACCATCCGTACCATCCTGGAGTATGCGGACAAGGTCTTCACCTACATCTTCATCCTGGA 1382

Qy    1335 uMetThrValLysValValAlaLeuGlyTrpCysPheGlyGluGlnAlaTyrLeuArgSe 1355
           ||||   :::|||      |||   |||:::                  :::      ::
Db    1383 GATGTTGCTCAAATGGACAGCCTATGGCTTCGTC------------AAGTTCTTCACCAA 1430
```

```
Qy       1355 rSerTrpAsnValLeuAspGlyLeuLeuValLeuIleSerValIleAspIleLeuValSe 1375
              ::::|||      ||||||   |||:::|||   :::|||::::::   ::::::   ::
Db       1431 TGCCTGGTGCTGGTTGGACTTCCTCATTGTGGCTGTCTCTTTAGTCAGCCTTATAGCTAA 1490

Qy       1375 rMetValSerAspSerGlyThrLysIleLeuGlyMetLeuArgValLeuArgLeuLeuAr 1395
              :   :::         |||         ||||||   ::::::   ||||||   |||||
Db       1491 TGCCCTG---------GGCTACTCGGAACTAGGTGCCATAAAGTCCCTTAGGACCCTAAG 1541

Qy       1395 gThrLeuArgProLeuArgValIleSerArgAlaGlnGlyLeuLysLeuValValGluTh 1415
              |   |||||||||||||||   :::||||||   :::|||:::::::::||||||
Db       1542 AGCTTTGAGACCCTTAAGAGCCTTATCACGATTTGAAGGGATGAGGGTGGTGGTGAACGC 1601

Qy       1415 rLeuMetSerSerLeuLysProIleGlyAsnIleValValIleCysCysAlaPhePheIl 1435
               |||:::   ::::::      |||   |||::::::::::::|||      |||:::::
Db       1602 CTTGGTGGGCGCCATCCCCTCCATCATGAACGTGCTGCTGGTGTGTCTCATCTTCTGGCT 1661

Qy       1435 eIlePheGlyIleLeuGlyValGlnLeuPheLysGlyLysPhePheValCysGlnGlyGl 1455
              :||||||   |||:::||||||   ||||||   ||||||:::      |||      ||
Db       1662 GATTTTCAGCATCATGGGCGTTAACCTGTTTGCTGGGAAATACCACTACTGCTTCAACGA 1721

Qy       1455 uAspThrArg------------------AsnIleThrAsnLysSerAspCysAlaGlu-- 1468
              |   :::                        :::   ||||||:::||||||   :::
Db       1722 GACTTCAGAAATCCGGTTCGAAATCGACGAGGTGAACAATAAAACCGACTGTGAGAAGCT 1781

Qy       1469 ----------------AlaSerTyrArgTrpValArgHisLysTyrAsnPheAspAsnLe 1483
                                       ||||||         |||   ||||||||||||::
Db       1782 CATGGAGGGCAACAACACAGAGATCCGATGGAAGAACGTCAAGATCAACTTCGACAACGT 1841

Qy       1483 uGlyGlnAlaLeuMetSerLeuPheValLeuAlaSerLysAspGlyTrpValAspIleMe 1503
              :|||         ::::::|||      :::|||:::      ||||||:::||||||||
Db       1842 CGGGGCAGGCTACCTGGCCCTTCTTCAAGTGGCAACCTTCAAAGGCTGGATGGACATCAT 1901

Qy       1503 tTyrAspGlyLeuAspAlaValGlyValAspGlnGlnProIleMetAsnHisAsnProTr 1523
              ||||      :::|||:::         |||:::||||||            |||   ::
Db       1902 GTATGCAGCTGTAGATTCCCGAAAGCCGGACGAGCAGCCTGATTATGAGGGCAACATCTA 1961

Qy       1523 pMetLeuLeuTyrPheIleSerPheLeuLeuIleValAlaPhePheValLeuAsnMetPh 1543
              :|||   :::||||||:::   |||::::::      :::||||||   ||||||:::||
Db       1962 CATGTACATCTACTTCGTCATCTTCATCATCTTCGGCTCCTTCTTCACCCTCAACCTGTT 2021

Qy       1543 eValGlyValValValGluAsnPheHisLysCysArgGlnHisGlnGluGluGluGluAl 1563
              |:::||||||:::::::::||||||::::::   ::::::            ::::::
Db       2022 CATCGGTGTCATCATCGACAATTTCAATCAACAGAAGAAAAAGTTTGGAGGTCAGGACAT 2081

Qy       1563 aArgArgArgGluGlu------LysArgLeuArgArgLeuGluLysLysArgArgSerLy 1581
                        ||||||      |||   |||:::|||   |||:::   |||   |||||
Db       2082 CTTCATGACAGAGGAACAGAAGAAGTA-CTACAACGCCATGAAGAAGCTAGGGC-TCCAA 2139

Qy       1581 sGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArgPheAr 1601
              |:::   |||                  ||||||               ::::::   ::
Db       2140 GAAGCCACAG------------------AAGCCCATCCCCCGACCTTTGAACAAAATCCA 2181

Qy       1601 gLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGlyValIl 1621
              :   :::|||            |||            |||:::   |||      :::||
Db       2182 AGGGATTGTCTTTGATTTCGTCACGCAACAAGCCTTCGACATCGTGATCATGATGCTTAT 2241

Qy       1621 eGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeuAspGl 1641
              |   ||||||:::|||||||||   :::|||         |||   :::   ::::::
Db       2242 CTGCCTTAACATGGTGACCATGATGGTGGAGACAGACACACAGAGCAAGCAGATGGAGAA 2301

Qy       1641 uAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerValPheLy 1661
                  |||         |||   :::|||   :::   |||      |||   |||   ||
Db       2302 CATTCTCTACTGGATTAATCTGGTCTTCGTCATCTTCTTCACCTGCGAGTGTGTGCTCAA 2361

Qy       1661 sLeuValAlaPheAlaPheArgArg---PhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAspLe 1680
              |:::      ||||||   |||      :::|||         ||||||      |||
Db       2362 AATG------TTTGCCTTGAGACACTACTATTTCACCATTGGCTGGAACATCTTTGACTT 2415

Qy       1680 uAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeuSe 1700
                  :::|||:::|||||||||:::|||:::   |||   :::|||
Db       2416 TGTGGTGGTCATTCTCTCCATTGTGGGAATGTTCCTGGCTGATATCATTGAGAAGTACTT 2475

Qy       1700 rLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgValLe 1720
                     ::::::||||||:::   |||::::::|||:::   ||||||   |||:::||
Db       2476 C------GTCTCCCCGACCCTATTCCGCGTCATCCGATTGGCCCGCATCGGGCGCATCTT 2529

Qy       1720 uLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAlaLe 1740
              |:::|||:::|||   |||   |||:::|||   ||||||      :::|||   :::||
Db       2530 GCGTCTGATCAAGGGCGCCAAAGGGATCCGCACCCTGCTCTTTGCCTTAATGATGTCGCT 2589

Qy       1740 uProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAlaLe 1760
              ||||   :::   |||:::|||||||||      |||:::   |||||||||:::
Db       2590 GCCCGCCCTGTTCAACATCGGCCTCCTGCTCTTCCTGGTCATGTTCATCTTCTCCATCTT 2649

Qy       1760 uGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeuGl 1780
               |||:::      |||      ::::::   :::                  |||:::
Db       2650 TGGGATGTCCAACTTCGCGTACGTGAAGCACGAG---------------GCCGGCATTGA 2694

Qy       1780 yArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSerTh 1800
                           |||      ||||||   :::   :::   ||||||:::::::::||
Db       2695 TGACATGTTCAACTTCGAGACGTTTGGCAACAGCATGATCTGCCTGTTCCAGATCACGAC 2754

Qy       1800 rGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMet---------------LysAspProSerArgAspCy 1815
              |         |||:::|||::::::               :::   |||
Db       2755 CTCTGCTGGTTGGGATGGCTTACTGCTGCCAATCCTGAACCGCCCCCCTGACTGCAGCTT 2814

Qy       1815 sAspGlnGlu---------------------SerThrCysTyrAsnThrValIleSerPr 1828
               |||:::|||                           |||   |||      :::
Db       2815 GGACAAGGAGCACCCAGGAAGTGGCTTCAAAGGGGACTGCGGGAACCCCTCCGTGGGCAT 2874

Qy       1828 oIleTyrPheValSerPheValLeuThrAlaGlnPheValLeuValAsnValValIleAl 1848
                  :::|||||||||:::::::::   :::      ::::::||||||:::   |||||
Db       2875 CTTCTTCTTCGTCAGCTACATCATCATCTCCTTTCTGATCGTGGTAAACATGTACATTGC 2934

Qy       1848 aValLeuMetLysHisLeuGluGluSerAsnLysGluAlaLysGlu---------GluAl 1865
              |:::::::::::::::         :::   :::|||:::   :::         |||
Db       2935 CATCATCTTGGAGAACTTCAGCGTAGCCACAGAGGAAAGCGCCGATCCTCTGAGCGAGGA 2994

Qy       1865 aGluLeuGluAlaGluLeuGluLeuGluMetLysThrLeuSerProGlnProHisSerPr 1885
               :::   |||         |||
Db       2995 CGACTTCGAGACTTTCTATGAG-------------------------------------- 3016

Qy       1885 oLeuGlySerProPheLeuTrpProGlyValGluGlyValAsnSerThrAspSerProLy 1905
                              :::|||         :::
Db       3017 ----------------ATCTGGAGAAGTTTGAT--------------------------- 3034

Qy       1905 sProGlyAlaProHisThrThrAlaHisIleGly------------AlaAlaSerGlyPh 1921
                        |||      |||      |||               |||
Db       3035 ----------CCTGATGCCACCCAGTTCATCGAGTACTGTAAGCTGGCCGACTTTGCCGA 3084

Qy       1921 eSerLeuGluHisProThrMetValProHisProGluGluValProValProLeuGlyPr 1941
               :::||||||||||||      ||||||   |||      :::   :::   :::
Db       3085 CGCCCTGGAGCATCCGCTCCGAGTACCCAAGCCCAACACCATCGAGCTC---ATCGCCAT 3141

Qy       1941 oAspLeuLeuThrValArgLysSerGlyValSerArgThrHisSerLeuProAsnAspSe 1961
               ||||||      |||      ||||||      |||   |||   |||      |||
Db       3142 GGACCTGCCCATGGTG------AGCGGA---GATCGAATCCACTGCTTG------GACAT 3186

Qy       1961 rTyrMetCysArgAsnGlySerThrAlaGluArgSerLeuGlyHisArgGlyTrpGlyLe 1981
                                 :::      :::|||   ||||||      |||
Db       3187 CCTTTTC------------GCCTTCACCAAGCGAGTCCTGGGAGACAGTGGG-------- 3226

Qy       1981 uProLysAlaGlnSerGlySerIleLeuSerValHisSerGlnProAlaAspThrSerCy 2001
                                       |||   :::      |||      :::
Db       3227 ----------------------GAGTTGGACATCCTGCGGCAGCAGATGGAGGAGCGGTT 3264

Qy       2001 sIleLeuGlnLeuProLysAspValHisTyrLeuLeuGlnProHisGlyAlaProThrTr 2021
               :::         |||      |||   |||
Db       3265 CGTGGCGTCCAATCCTTCCAAAGTGTCTTAC----------------------------- 3295

Qy       2021 pGlyAlaIleProLysLeuProProProGlyArgSerProLeuAlaGlnArgProLeuAr 2041
                                                   |||:::               ||
Db       3296 ----------------------------------GAGCCTATCACGACCACTCTGCGGCG 3321

Qy       2041 gArgGlnAlaAlaIleArgThrAspSerLeuAspValGlnGlyLeuGlySerArgGluAs 2061
              |:::|||
Db       3322 CAAGCAG----------------------------------------------------- 3328

Qy       2061 pLeuLeuSerGluValSerGlyPro-SerCysProLeuThrArgSerSerSerPheTrpG 2081
                        |||||||||       ||||||   :::            ::::::   |
Db       3329 -------GAAGAGGTGTCTGCAGTGGTCTTGCAGCGTGCTTACAGGGGACACCTGGCTAG 3381

Qy       2081 lyGlySerSerIleGlnValGlnGlnArgSer---------------GlyIleGlnSerL 2096
              |||||:::|||            :::||||||                  :::::::::
Db       3382 GCGGGGCTTCA------TCTGCAGAAAGATCACTTCCAACAAGCTGGAGAATGGAGGCAC 3435

Qy       2096 ysValSerLysHisIleArgLeuProAlaProCysProGlyLeuGluProSerTrpAlaL 2116
                      :::      |||   |||   |||   |||            :::   |||
Db       3436 CCACCGAGAGAAGAAGGAGAGCACCCCGTCCACAGCCTCCCTCCCCTCTTACGACAGCGT 3495

Qy       2116 ysAspProProGluThrArgSerSerLeuGluLeuAspThrGluLeuSerTrpIleSerG 2136
                      |||      |||||||||                              ||||
Db       3496 GACAAAGCCCGACAAGGAGAAGCAGC------------------------------AGCG 3525

Qy       2136 lyAspLeuLeuProSerSerGlnGluGluProLeuPheProArgAspLeuLysLysCysT 2156
              ||                  :::|||            ||||||      ||||||
Db       3526 GGCAGAGGAAGGCAGGAGGGAAAGAG------------CCAAGAGGCAAAAAGAAGTCAG 3573

Qy       2156 yrSerValGluThrGlnSerCysArgArgArgProGlyPheTrpLeuAspGluGlnArg- 2175
                |||         :::         :::            ||||||:::      :::
Db       3574 GGAGTCCAAGTGCTAGAGGAGAGGGTAAGGGAAGCTTACGCTGGCTGAACACGGGCAAGT 3633

Qy       2176 --ArgHisSerIleAlaValSerCysLeuAspSerGlySerGlnProArgLeuCysProS 2195
                :::            :::      |||            |||   |||   |||   :
Db       3634 GAAAGCTTGTTTACAAACTTCCGAATCTCACGGACACAGAGCAGCTGCGGAGATGCTGTA 3693

Qy       2195 erProSerSerLeuGlyGlyGlnProLeuGlyGlyProGlySerArgProLysLysLysL 2215
              ::               |||:::|||:::
Db       3694 CT---------------GGAAGACCTATA------------------------------- 3707

Qy       2215 euSerProProSerIleSerIleAspProProGluSerGlnGlySerArgProProCysS 2235
                      |||:::|||
Db       3708 --------CCAAACATA------------------------------------------- 3716

Qy       2235 erProGlyValCysLeuArg------------------ArgArgAlaProAlaSerAspS 2249
                      |||||||||                        |||   ||||||   |||
Db       3717 --------GTCTGCTTACACGTGACACGGTTGCATCCTGAGCGGTGACCTGCTGGGGACA 3768

Qy       2249 erLysAspProSerValSerSerProLeuAspSerThrAlaAlaSerProSerProLysL 2269
                         |||:::   |||   :::   |||   |||   :::
Db       3769 AAGGACCCTGCTCCCTGGACTCACAGATTTTTCTATCGCTTGGGCAGACGTTACTGCAT 3828

Qy       2269 ysAspThrLeuSerLeuSerGlyLeuSerSerAspProThr 2282
                   ||||||            |||      :::   |||
Db       3829 GTTCCACACTCGGTCAATGCAACTTAGGAGTAAACTTAACA 3869

RESULT 15
BU058818
LOCUS       BU058818                771 bp    mRNA    linear   EST 26-AUG-2002
DEFINITION  UI-M-FR0-cak-a-11-0-UI.r1 NIH_BMAP_FR0 Mus musculus cDNA clone
            IMAGE:6413458 5', mRNA sequence.
ACCESSION   BU058818
VERSION     BU058818.1  GI:22499107
KEYWORDS    EST.
SOURCE      Mus musculus (house mouse)
  ORGANISM  Mus musculus
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Rodentia; Sciurognathi; Muridae; Murinae; Mus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 771)
  AUTHORS   NIH-MGC http://mgc.nci.nih.gov/.
  TITLE     National Institutes of Health, Mammalian Gene Collection (MGC)
  JOURNAL   Unpublished (1999)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Dr. Jim Lin, University of Iowa
             cDNA Library preparation: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             cDNA Library Arrayed by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             DNA Sequencing by: Dr. M. Bento Soares, University of Iowa
             Clone Distribution: MGC clone distribution information can be
```

```
             found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
             http://image.llnl.gov
              This clone was contributed by the Brain Molecular Anatomy Project
             (BMAP)
             Seq primer: pYX-5.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..771
                     /organism="Mus musculus"
                     /mol_type="mRNA"
                     /strain="C57BL/6"
                     /db_xref="taxon:10090"
                     /clone="IMAGE:6413458"
                     /tissue_type="whole brain"
                     /dev_stage="embryo 13.5,14.5,16.5,17.5dpc"
                     /lab_host="DH10B (T1 phage resistant)"
                     /clone_lib="NIH_BMAP_FR0"
                     /note="Organ: Brain; Vector: pYX- Asc; Site_1: EcoR I;
                     Site_2: Not I; The library was constructed according
                     Bonaldo, Lennon and Soares, Genome Research, 6:791-806,
                     1996. Denatured RNA was size fractionated on a 1% agarose
                     gel. First strand cDNA synthesis was primed with oligo-dT
                     primer containing a Not I site. Double strand cDNA was
                     size selected according to mRNA size fraction, ligated
                     with EcoR I adaptor, digested with NotI and then cloned
                     directionally into pYX-Asc vector. The library tag
                     sequence located between the Not I site and the polyA tail
                     is AGCGAGACAG. This library was created for the University
                     Iowa Brain Anatomy Project (BMAP): 'Gene Discovery in the
                     Developing Mouse Nervous System', supported by National
                     Institute of Mental Health (NIMH), Hemin Chin, Ph.D.,
                     program coordinator."
ORIGIN

Alignment Scores:
Pred. No.:              4.03e-72       Length:        771
Score:                  1187.50        Matches:       238
Percent Similarity:     94.09%         Conservative:  1
Best Local Similarity:  93.70%         Mismatches:    15
Query Match:            9.87%          Indels:        2
DB:                     5              Gaps:          0

US-09-611-257A-24 (1-2287) x BU058818 (1-771)

Qy       1580 SerLysGluLysGlnMetAlaGluAlaGlnCysLysProTyrTyrSerAspTyrSerArg 1599
              |||               :::|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         10 AGCTCAGCCAGCGCTGCGTCAGAAGCCCAGTGCAAACCCTACTACTCTGACTACTCGCGC 69

Qy       1600 PheArgLeuLeuValHisHisLeuCysThrSerHisTyrLeuAspLeuPheIleThrGly 1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db         70 TTCCGGCTCCTCGTCCACCACCTGTGTACCAGCCACTACCTGGACCTCTTCATCACTGGT 129

Qy       1620 ValIleGlyLeuAsnValValThrMetAlaMetGluHisTyrGlnGlnProGlnIleLeu 1639
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        130 GTCATCGGGCTGAATGTGGTCACGATGGCCATGGAACATTACCAGCAGCCCCAGATCCTG 189

Qy       1640 AspGluAlaLeuLysIleCysAsnTyrIlePheThrValIlePheValPheGluSerVal 1659
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||
Db        190 GACGAGGCTCTGAAGATCTGCAACTACATCTTTACCGTCATCTTTGTCTTGGAGTCAGTA 249

Qy       1660 PheLysLeuValAlaPheAlaPheArgArgPhePheGlnAspArgTrpAsnGlnLeuAsp 1679
              ||||||||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        250 TTCAAACTTGTGGCCTTCGGCTTCCGCCGGTTCTTCCAGGACAGGTGGAACCAGCTGGAC 309

Qy       1680 LeuAlaIleValLeuLeuSerIleMetGlyIleThrLeuGluGluIleGluValAsnLeu 1699
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        310 CTGGCTATTGTGCTTCTGTCCATCATGGGCATCACGCTGGAAGAGATTGAGGTCAATGCT 369

Qy       1700 SerLeuProIleAsnProThrIleIleArgIleMetArgValLeuArgIleAlaArgVal 1719
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        370 TCACTGCCCATCAACCCCACCATCATCCGTATCATGAGGGTGCTCCGCATTGCTCGAGTT 429

Qy       1720 LeuLysLeuLeuLysMetAlaValGlyMetArgAlaLeuLeuHisThrValMetGlnAla 1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||   |||||||||||||||
Db        430 CTGAAGCTGTTGAAGATGGCTGTGGGCATGCGGGCACTGCTGGACACGGTGATGCAGGCC 489

Qy       1740 LeuProGlnValGlyAsnLeuGlyLeuLeuPheMetLeuLeuPhePheIlePheAlaAla 1759
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        490 CTGCCCCAGGTGGGGAACCTGGGACTTCTCTTCATGCTATTATTTTTCATCTTTGCAGCT 549

Qy       1760 LeuGlyValGluLeuPheGlyAspLeuGluCysAspGluThrHisProCysGluGlyLeu 1779
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        550 CTGGGCGTGGAGCTCTTTGGAGACCTGGAGTGTGATGAGACACACCCTTGTGAGGGCTTG 609

Qy       1780 GlyArgHisAlaThrPheArgAsnPheGlyMetAlaPheLeuThrLeuPheArgValSer 1799
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db        610 GGCCGGCATGCCACCTTTAGGAACTTTGGTATGGCCTTTCTGACCCTCTTCCGAGTCTCC 669

Qy       1800 ThrGlyAspAsnTrpAsnGlyIleMetLysAspProSerArgAspCysAspGlnGluSer 1819
              |||||||||||||||||||||||||||||||||      |||||||||      |||
Db        670 ACTGGTGACAACTGGAATGGTATTATGAAGGACACCCTCCGGGACTGTGNACACGAGTC- 728

Qy       1820 ThrCysTyrAsnThrValIleSerProIleTyrPheValSer 1833
              |||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db        729 ACCTGCTACAC-ACCGTCATCTCACCCATCTACTTCGTGTCC 769

Search completed: April 28, 2005, 15:55:26
Job time : 9822 secs
```